



Nationale Referenzzentrale für Shigellen



Jahresbericht 2025

Mag.^a Dr.ⁱⁿ Ingeborg Lederer

13.08.2025

Inhalt

Inhalt.....	2
Zusammenfassung	3
Summary.....	3
Einleitung	4
Resultate	4
Diskussion.....	14
Danksagung.....	16
Abbildungsverzeichnis.....	17
Tabellenverzeichnis.....	18

Zusammenfassung

Im Jahr 2025 wurden in Österreich 98 bestätigte Fälle von Infektionen mit Shigellen gemeldet. Die Zahl der an der Nationalen Referenzzentrale (NRZ) eingelangten humanen *Shigella* -Erstisolate betrug 107, das entspricht einer Inzidenz von rund 1,2 pro 100.000 Personen. Die vorherrschende Spezies war *Shigella sonnei* mit 67,3%. Vier Isolate waren gegenüber allen getesteten antimikrobiellen Wirkstoffgruppen sensibel. Bei 37 Isolaten konnte eine Resistenz gegen Ciprofloxacin nachgewiesen werden, bei insgesamt 49 Stämmen eine Nalidixinsäure Resistenz. Es wurden 49 *Shigella*-Isolate als ESBL (Extended spectrum β -lactamase) Bildner identifiziert.

Summary

In Austria 98 cases of shigellosis were reported to the health authorities in 2025. A total of 107 human *Shigella*-initial-isolates were investigated by the National Reference Centre, corresponding to an incidence rate of 1.2 per 100,000 inhabitants. The predominant species was *Shigella sonnei*, accounting for 67.3% of initial isolates. Resistance testing revealed that four strains were sensitive against all substances tested. We detected resistance against ciprofloxacin in 37 strains and resistance against nalidixic acid in 49 isolates; 49 *Shigella* isolates were ESBL (extended spectrum β -lactamase) positive.

Einleitung

Das Genus *Shigella* umfasst gramnegative, unbewegliche, fakultativ anaerob wachsende Stäbchenbakterien der Familie Enterobacteriaceae. Anhand ihrer biochemischen Merkmale und spezifischen O-Antigene werden sie in vier Spezies (auch als Untergruppen bezeichnet) unterteilt: *S. dysenteriae* (Untergruppe A); *S. flexneri* (Untergruppe B); *S. boydii* (Untergruppe C); *S. sonnei* (Untergruppe D). Die ersten drei Gruppen können in Serovare unterteilt werden. *S. sonnei* ist serologisch einheitlich und besteht aus einem Serovar. Shigellosen werden in Österreich hauptsächlich durch *S. sonnei* und *S. flexneri* verursacht. Diese beiden Spezies führen überwiegend zu leichteren Erkrankungen.

Die in der Referenzzentrale einlangenden Stämme werden einer Typisierung mittels Serotypisierung, Biochemotypisierung, Phagentypisierung (nur bei *Shigella sonnei*), MLST (multilocus sequence typing) und cgMLST (core genome multilocus sequence typing) unterzogen. Bei allen Isolaten erfolgt eine Antibiotika-Resistenztestung. Die Infektionsdosis ist bei Shigellen sehr niedrig. Bereits 10 bis 200 Keime genügen, um klinische Symptome auszulösen. Der Grund dafür liegt in einer im Vergleich zu Salmonellen hohen Säuretoleranz des Erregers. Shigellen werden häufig von Reisenden importiert. In Österreich besteht gemäß Epidemie Gesetz, BGBl. Nr. 186/1950 eine Meldepflicht für Shigellosen.

Resultate

An der Nationalen Referenzzentrale für Shigellen in Graz wurden 2025 in Summe 156 Kulturen bearbeitet (Tabelle 1). Es konnten 107 *Shigella*-Erstisolate nachgewiesen werden. Dies entspricht einer Inzidenz von 1,2 pro 100.000 Einwohnern (Quelle: Statistik Austria, Bevölkerung im Jahresdurchschnitt 2025). Bei 38 Einsendungen konnten keine Shigellen nachgewiesen werden; stattdessen wurden andere Erreger identifiziert. Neben den Isolaten wurden auch zwei Stuhlproben an die NRZ eingesandt. In beiden Proben konnten keine Shigellen nachgewiesen werden. Bei einer der Proben handelte es sich um Material aus einem Ringversuch.

Tabelle 1: Kultureinsendungen an die Shigella-Referenzzentrale, Österreich, 2025

Projekt	Genus/Ergebnis	Species	Anzahl
Diagnostik	<i>Shigella</i>	<i>sonnei</i>	72
Diagnostik	<i>Shigella</i>	<i>flexneri</i>	33
Diagnostik	<i>Shigella</i>	<i>boydii</i>	2
Diagnostik	<i>Escherichia</i>	<i>hermanii</i>	1
Diagnostik	<i>Escherichia</i>	<i>coli</i>	32
	EAEC		5
	EAEC, EIEC, EPEC,		2
	ETEC		1
	EAEC, ETEC		2
	EIEC, EPEC		5
	EIEC		5
	EPEC		12
	apathogen		
Diagnostik	<i>Morganella</i>	<i>morganii ssp. morganii</i>	1
Diagnostik	<i>Klebsiella</i>	<i>pneumoniae</i>	1
Diagnostik	<i>Pseudomonas</i>	<i>aeruginosa</i>	2
Diagnostik	<i>Aeromonas</i>	<i>hydrophila/punctata (caviae)</i>	1
Ringversuch	<i>Shigella</i>	<i>sonnei</i>	1
Doppeleinsendungen	-	-	8
keine Shigellen im Stuhl nachweisbar	-		2
Gesamt	-	-	156

EAEC: Enteroaggregative *E. coli*, EIEC: Enteroinvasive *E. coli*, EPEC: Enteropathogene *E. coli*, VTEC: Verotoxin bildende *E. coli*

Den größten Anteil der an die Referenzzentrale eingesandten Isolate stellte *Shigella sonnei* mit 72 Isolaten (67,3 %) dar, gefolgt von *Shigella flexneri* mit 33 Isolaten (30,8 %). Abbildung 1 veranschaulicht die Anteile dieser beiden am häufigsten vertretenen *Shigella*-Spezies seit dem Jahr 2012. *S. boydii* wurde in 2 Fällen identifiziert (1,9%). Im Jahr 2025 wurde die Spezies *S. dysenteriae* nicht registriert.

Die Ergebnisse der Typisierung durch Agglutination der Stämme mittels Antisera wurden mit den Resultaten der Serotypisierung auf genetischer Ebene mittels ShigaTyper (CFSAN-Biostatistics) verglichen. Bei drei *S. sonnei* Stämmen wurde durch die ShigaTyper Analysen keine Zuordnung erzielt. In diesen Fällen konnte mittels biochemischer und serologischer

Analysen sowie durch die Ridom Typer-Sequenzauswertung eine eindeutige Identifizierung der Stämme als *Shigella sonnei* gezeigt werden. Von den *S. flexneri* Stämmen zeigte der Vergleich der beiden Methoden bei einem Isolat ein unterschiedliches Ergebnis. Bei diesem Stamm handelte es sich um eine neue Variante des Serovars 1 (*S. flexneri* 1c/7a). Der Stamm des Serovars *Shigella flexneri* 6 wurde bei der Analyse mit dem *E. coli* cgMLST-Schema im Ridom Typer nicht als *Shigella* erkannt. Von diesem Phänomen waren im Jahr 2025 insgesamt vier Stämme betroffen.

Die beiden Serovare von *Shigella boydii* (4 und 18) wurden mittels Antisera und ShigaTyper analysiert und identifiziert, konnten aber mittels Ridom Typer Auswertung (*E. coli* cgMLST) nicht als *Shigella* identifiziert werden.

In den Abbildungen 2 und 3 sind Alters- bzw. Geschlechtsverteilung dargestellt. Bei 4,7% der Einsendungen war das Alter der Patienten nicht angegeben. Die jeweils anschließenden Tabellen 2 und 3 zeigen die altersspezifischen bzw. geschlechtsspezifischen Inzidenzen. Tabelle 4 führt die für *S. sonnei* gefundenen Lysotypen und Biotypen an.

Insgesamt waren vier *Shigella*-Isolate gegenüber allen getesteten Substanzen sensibel.

Abbildung 4 zeigt die Resistenzen der *Shigella*-Stämme des Jahres 2025 gegen die getesteten Antibiotika. Bei 37 Isolaten (34,6 %) wurde eine Resistenz gegen Ciprofloxacin (Ci) nachgewiesen. Die Nalidixinsäure (Nx) Resistenzrate betrug 45,8 %. Abbildung 5 zeigt die Resistenzentwicklung gegenüber Nalidixinsäure und Ciprofloxacin für die letzten 27 Jahre in Österreich.

2025 ergaben die Analysen 45,8% ESBL (extended spectrum β -lactamase) Bildner. In Österreich wurden ESBL-bildende Shigellen erstmals im Jahr 2009 identifiziert (Abbildung 6). Abbildung 7 zeigt die im EMS bestätigten Shigellosen in Österreich, 98 Fälle waren es im Jahr 2025. Für rund 50% der bestätigten Fälle konnte ein Zusammenhang mit Auslandsaufenthalten nachgewiesen werden (EMS Daten). Die saisonale Verteilung der unterschiedlichen Spezies ist in der Abbildung 8 dargestellt.

Durch die Ganzgenom-Analysen der sequenzierten Shigellen konnten 13 *S. sonnei* Cluster und 3 *S. flexneri* Cluster identifiziert werden. Die Ergebnisse der auf der Ganzgenom-Sequenzierung basierenden MLST (Multilocus Sequence Typing) und cgMLST-(core genome Multilocus Sequence Typing) Analysen sind in den Tabellen 5 und 6 aufgelistet.

Abbildung 1: Vorkommen von *S. sonnei* und *S. flexneri* in Österreich, 2012-2025 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)

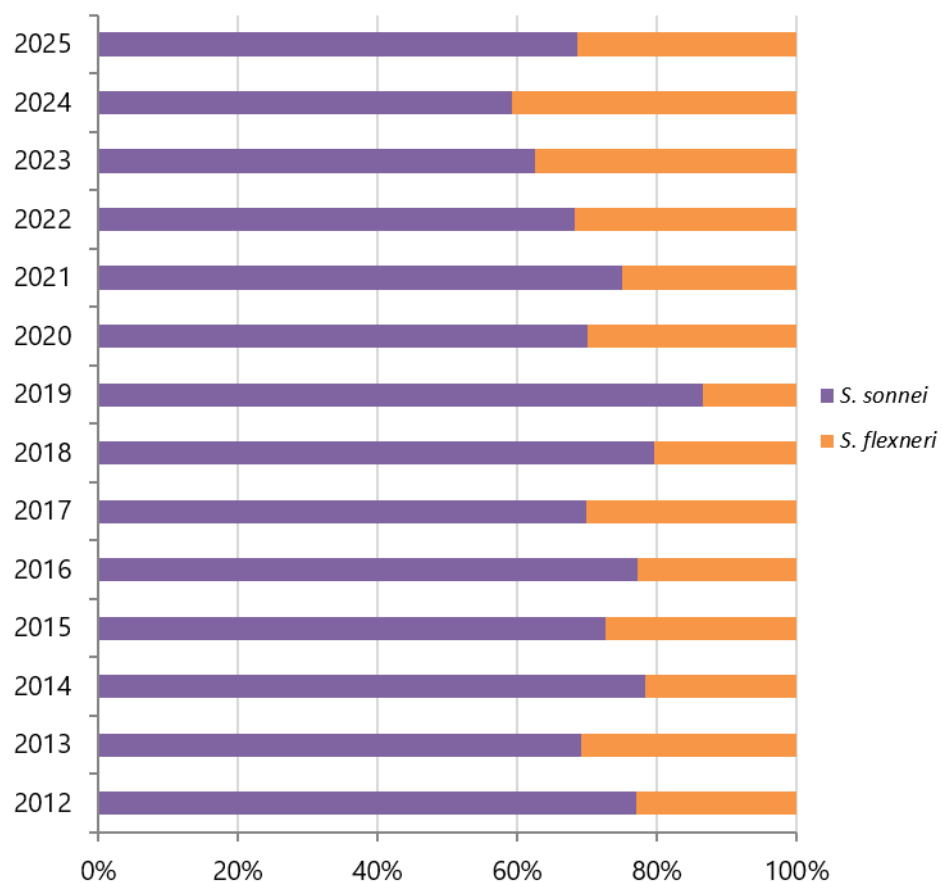


Abbildung 2: Altersverteilung der gemeldeten Shigellose-Fälle, Österreich, 2025 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)

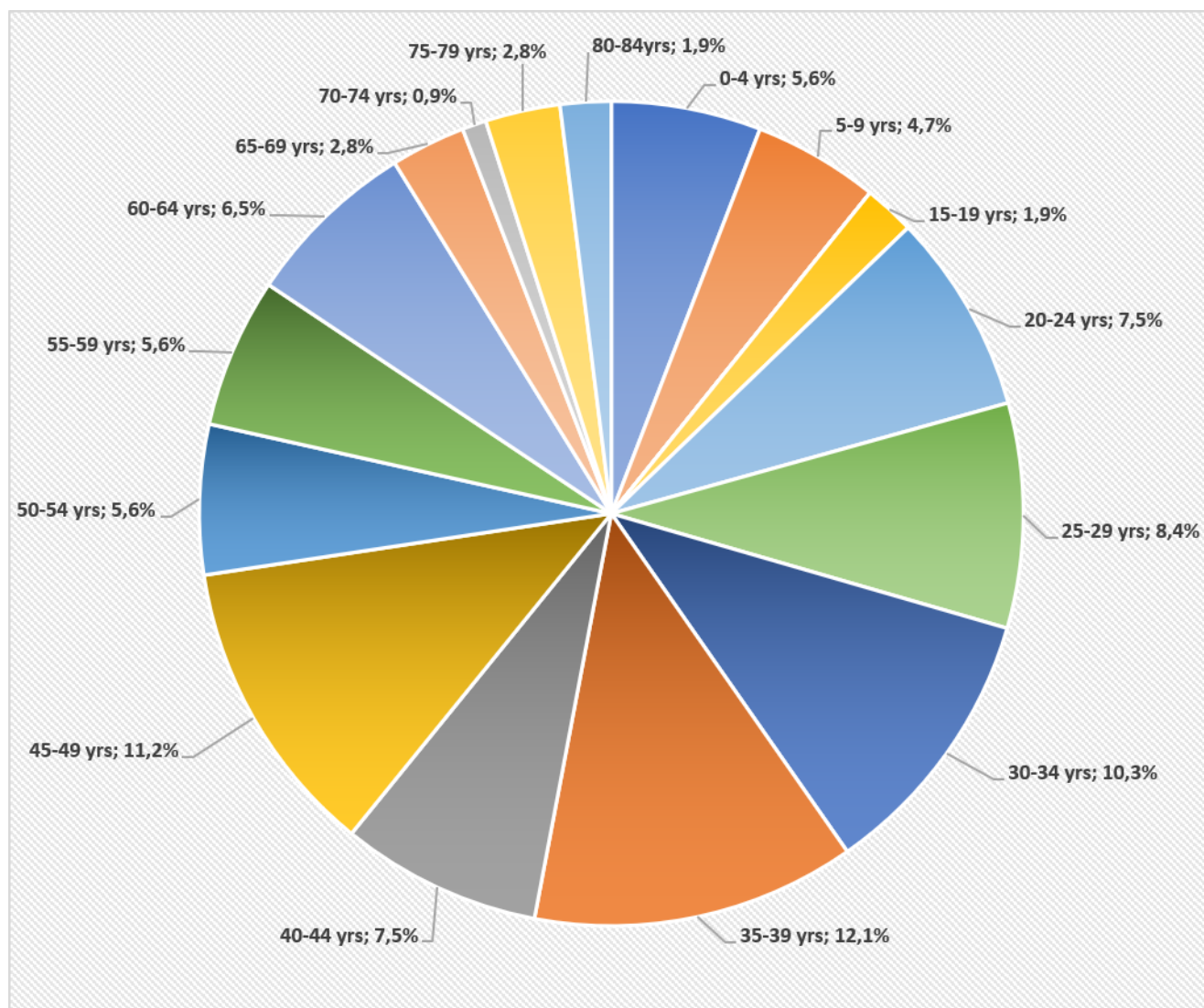


Tabelle 2: Prozentueller Anteil an bestätigten Shigellosen in den unterschiedlichen Altersgruppen im Vergleich zur altersspezifischen Inzidenz, Österreich 01.01.2025 - 31.12.2025 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)

Altersgruppe	Anzahl	Prozent	Inzidenz/100.000 Personen
0-4	6	5,6 %	1,5
5-9	5	4,7 %	1,1
10-14	0	0,0 %	0,0
15-19	2	1,9 %	0,4
20-24	8	7,5 %	1,6
25-29	9	8,4 %	1,6
30-34	11	10,3 %	1,7

35-39	13	12,1 %	2,0
40-44	8	7,5 %	1,3
45-49	12	11,2 %	2,1
50-54	6	5,6 %	1,0
55-59	6	5,6 %	0,9
60-64	7	6,5 %	1,0
65-69	3	2,8 %	0,5
70-74	1	0,9 %	0,2
75-79	3	2,8 %	0,8
80-84	2	1,9 %	0,7
≥85	0	0,0 %	0,0

Abbildung 3: Geschlechtsverteilung der gemeldeten Shigellose-Fälle, Österreich, 2025
(Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)

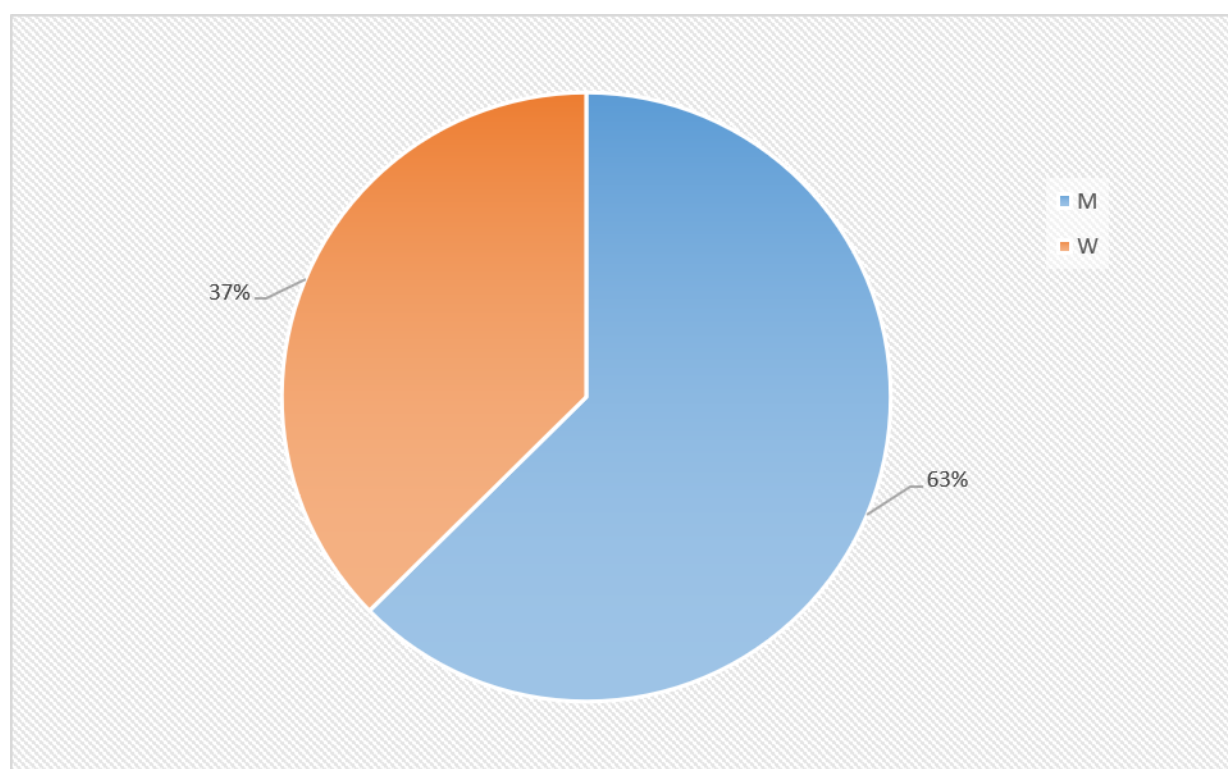


Tabelle 3: Prozentueller Anteil an bestätigten Shigella-Erkrankungen bei Männern und Frauen im Vergleich zur geschlechtsspezifischen Inzidenz, Österreich 01.01.2025 - 31.12.2025
(Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)

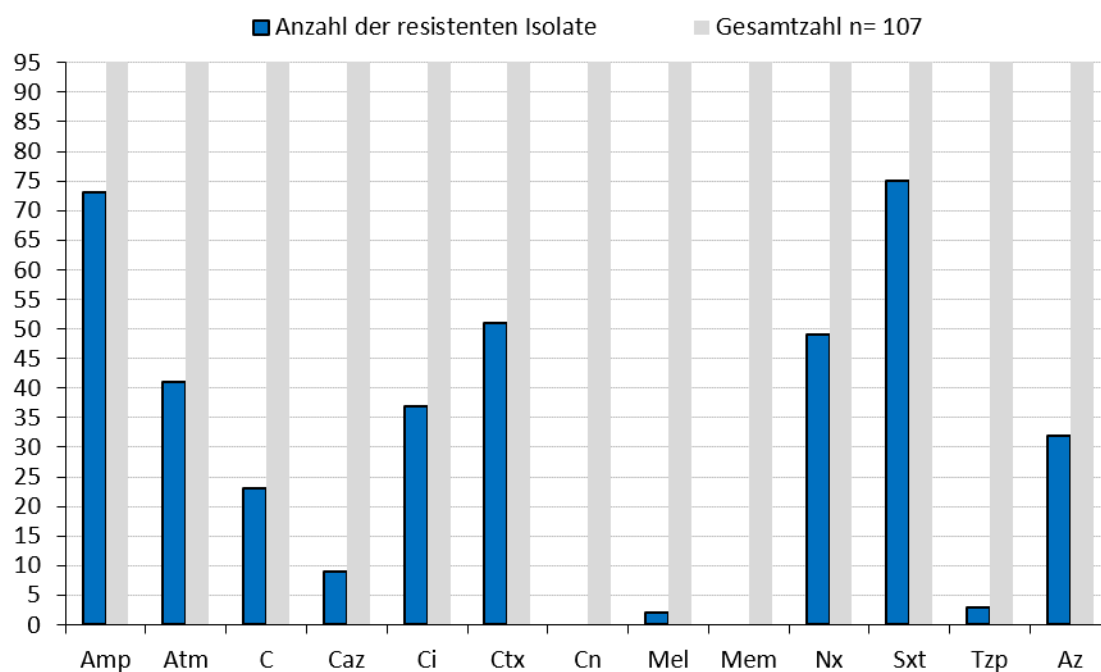
Geschlecht	Anzahl	Prozent	Inzidenz/100.000 Personen
weiblich	40	37%	0,8
männlich	67	63%	1,5

Tabelle 4: Lysotypen und Biotypen von *Shigella sonnei*, Österreich, 2025

Lysotyp	Biotyp	Anzahl
12	gl	56
17	gl	10
65	ab	1
6	gl	1
nc	gl	4

nc: not conform, Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGE

Abbildung 4: Resistenzen bei Shigellen, Österreich, 2025 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)



Abkürzungen: Ampicillin (Amp), Aztreonam (Atm), Chloramphenicol (C), Ceftazidim (Caz), Ciprofloxacin (Ci), Cefotaxim (Ctx), Gentamicin (Cn), Mecillinam (Mel), Meropenem (Mem), Nalidixinsäure (Nx), Trimethoprim/Sulfonamide (Sxt), Piperacillin/Tazobactam (Tzp)

Abbildung 5: Nalidixinsäure- und Ciprofloxacin-Resistenzen bei Shigellen, Österreich, 1999-2025 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)

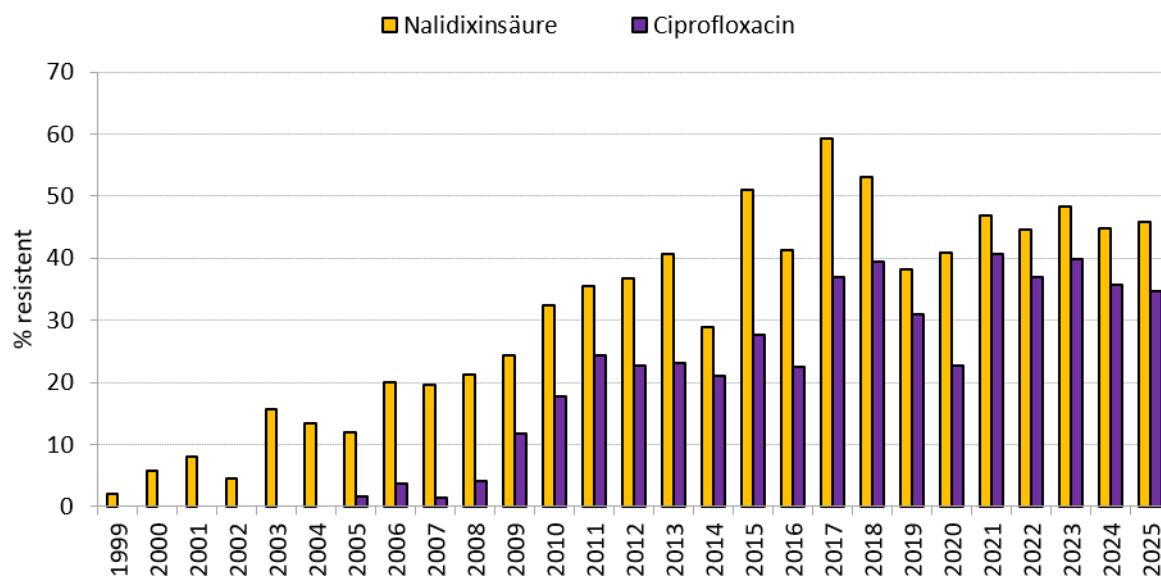


Abbildung 6: *Shigella* spp. - ESBL-Bildner (in %), Österreich, 2006-2025 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)

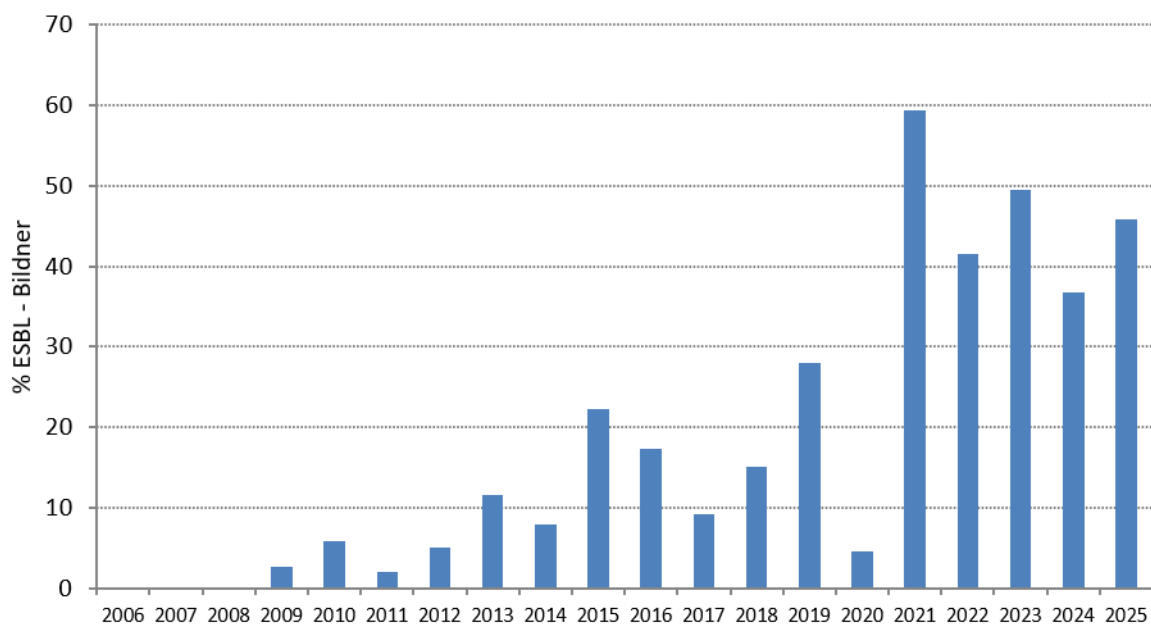


Abbildung 7: Gemeldete bestätigte Shigellose-Fälle in Österreich, 1990-2025 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)

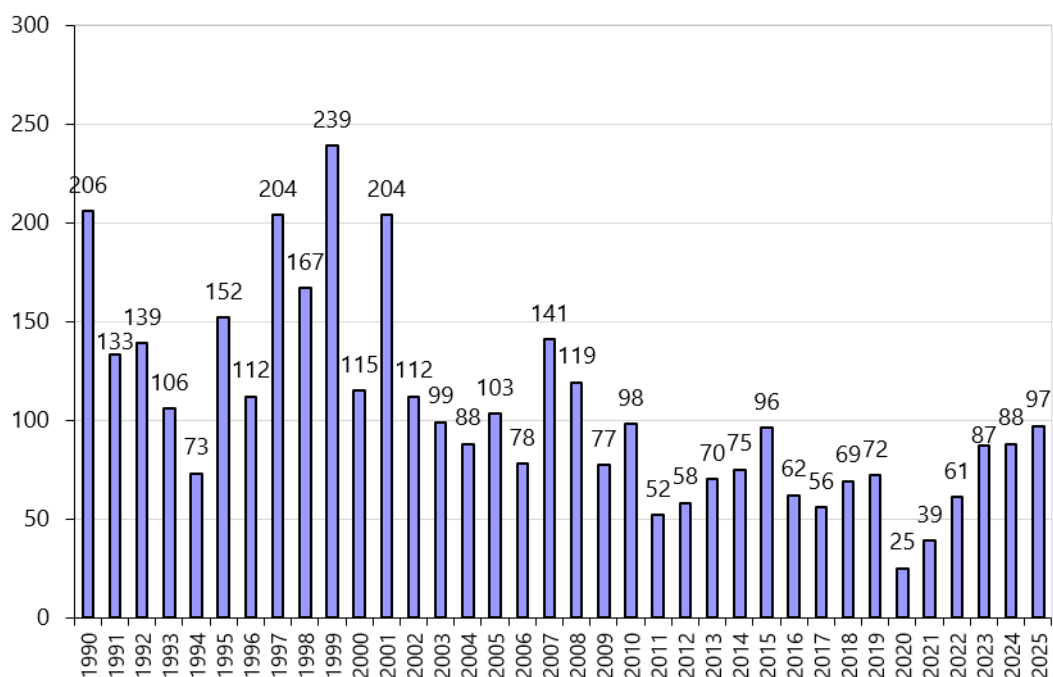


Abbildung 8: Saisonaler Verlauf der Shigellose, Österreich, 2025 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)

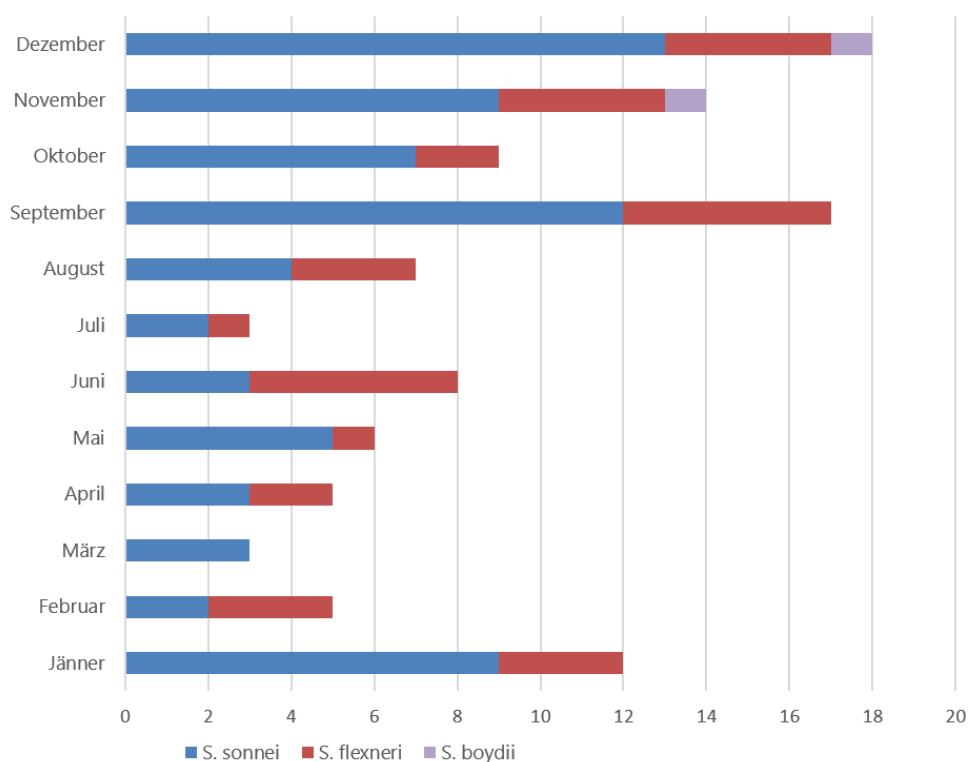


Tabelle 5: Sequence Types und Complex Types in den 13 unterschiedlichen Clustern von *Shigella sonnei*, Österreich, 2025 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)

Cluster	ST	CT	Geschlecht	Alter	Erkr.-Dat.	BL	importiert
1	152	3915	weiblich	7	18.08.2025	W	Türkei
	152	3915	weiblich	35	08.09.2025	NÖ	Türkei
2	152	12627	männlich	43	04.05.2025	S	Ägypten
	152	12627	weiblich	37	15.05.2025*	NÖ	n.i.
	152	12627	weiblich	39	10.09.2025	W	n.i.
3	152	13314	männlich	6	22.11.2025	W	n.i.
	152	13314	weiblich	76	15.12.2025	W	n.i.
4	152	18094	männlich	47	16.03.2025	STMK	unbekannt
	152	18094	männlich	33	09.06.2025	STMK	unbekannt
	152	18094	männlich	45	07.06.2025	W	n.i.
5	152	18094	männlich	37	25.06.2025	W	n.i.
	152	18094	männlich	41	09.09.2025	W	n.i.
	152	18094	männlich	58	21.10.2025	V	Spanien
	152	18094	männlich	45	20.10.2025	W	Italien
	152	18094	männlich	44	15.11.2025	W	n.i.
	152	18094	männlich	46	04.12.2025	W	n.i.
	152	18094	männlich	22	08.12.2025	W	n.i.
	152	18094	männlich	32	11.12.2025	NÖ	n.i.
6	152	18094	männlich	46	15.08.2025	W	n.i.
	152	18094	männlich	25	01.09.2025	W	Deutschland
	152	18094	männlich	36	26.08.2025	W	unbekannt
	152	18094	männlich	30	11.09.2025	W	n.i.
	152	18094	männlich	36	09.12.2025	W	n.i.
	152	18094	männlich	49	19.12.2025	STMK	n.i.
7	152	24489	weiblich	7	11.09.2025	STMK	n.i.
	152	24489	männlich	38	30.09.2025	T	n.i.
	152	24489	männlich	27	31.10.2025	W	n.i.
	152	24489	männlich	36	09.12.2025	W	n.i.
8	152	25653	männlich	30	22.07.2025	S	unbekannt
	152	14243	männlich	70	23.10.2025**	T	unbekannt
	152	25653	weiblich	48	17.12.2025	W	unbekannt
9	152	36723	männlich	57	08.01.2025	STMK	n.i.
	152	36723	weiblich	44	23.11.2025	W	Ägypten
	152	36723	weiblich	44	03.12.2025	W	n.i.
10	152	37915	weiblich	77	15.11.2025	W	n.i.
	152	37915	männlich	81	20.11.2025	W	n.i.
11	152	38741	weiblich	67	10.11.2025	NÖ	Namibia
	152	38741	weiblich	64	19.10.2025	W	Madagaskar
12	152	59586	weiblich	27	10.01.2025	STMK	Singapur
	152	59586	weiblich	58	10.01.2025	NÖ	Thailand
	152	59586	weiblich	34	13.01.2025	W	n.i.
	152	59586	weiblich	28	08.01.2025	W	n.i.

	152	59586	weiblich	35	10.01.2025	W	Indien
	152	59586	weiblich	55	11.01.2025	W	Vereinigte Arabische Emirate
	152	59586	weiblich	27	10.01.2025	NÖ	Sri Lanka
13	152	65573	weiblich	61	14.10.2025	W	n.i.
	152	65573	männlich	50	20.10.2025	W	Thailand

ST: Sequence Type (*E. coli* MLST_Warwick), CT: Complex Type (*E. coli* cgMLST), BL: Bundesland, *Probeneingang Referenzzentrale, **Diagnosedatum, n.i.: nicht importiert, STMK: Steiermark, S: Salzburg, W: Wien, T: Tirol, NÖ: Niederösterreich

Tabelle 6: Sequence Types und Complex Types in den 3 unterschiedlichen Clustern von *Shigella flexneri*, Österreich, 2025 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)

Cluster	SV	ST	CT	Geschl.	Alter	Erkr.-Dat.	BL	importiert
1	2a	245	15378	männlich	45	20.12.2024	NÖ	n.i.
	2a	245	15378	männlich	36	21.02.2025*	W	n.i.
	2a	245	15378	männlich	42	22.12.2024	W	n.i.
	2a	245	15378	männlich	36	08.02.2025	W	n.i.
	2a	245	15378	männlich	39	19.03.2025	STMK	n.i.
	2a	245	15378	männlich	53	14.04.2025	W	n.i.
	2a	245	15378	männlich	40	23.12.2024**	NÖ	n.i.
2	1b	245	38501	männlich	34	31.05.2025**	W	n.i.
	1b	245	38501	männlich	23	24.11.2025	W	n.i.
3	1b	245	64952	weiblich	25	06.06.2025	S	importiert
	1b	245	64952	weiblich	26	07.06.2025	S	importiert

SV: Serovar, ST: Sequence Type (*E. coli* MLST_Warwick), CT: Complex Type (*E. coli* cgMLST), BL: Bundesland, *Probeneingang Referenzzentrale, **Probeneingang Primärlabor, n.i.: nicht importiert, STMK: Steiermark, W: Wien, NÖ: Niederösterreich, S: Salzburg

Diskussion

Im Jahr 2025 wurden 98 bestätigte Shigellosen an die zuständigen Gesundheitsbehörden gemeldet. 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. In Abbildung 7 ist die Anzahl der gemeldeten *Shigella* bedingten Erkrankungen seit dem Jahr 1990 dargestellt. Es gab innerhalb der letzten zwei Jahrzehnte, mit Ausnahme der Zeit der Covid Pandemie, im Schnitt keine bemerkenswerten Anstiege in der Inzidenz der Shigellose in Österreich, da keine Ausbrüche mit großen Fallzahlen stattgefunden haben.

Die Inzidenz der Shigellose in Österreich wird im Jahr 2025 aus der Anzahl der in der Referenzzentrale eingelangten Erstisolate (n:107) berechnet und betrug 1,2 / 100.000 EW. Im Jahr davor wurde aufgrund der gemeldeten bestätigten Fälle eine Inzidenz von 1,1 / 100.000 EW registriert.

2025 war in 50% der bestätigten Fälle ein Zusammenhang mit Auslandsaufenthalten registriert worden.

Im Jahr 2025 wurde kein Todesfall in Zusammenhang mit einer Shigella-Erkrankung gemeldet.

Shigellosen werden in Österreich hauptsächlich durch *S. sonnei* (Anteil im Mittel in den letzten 14 Jahre: 50%) und *S. flexneri* (Anteil im Schnitt in den letzten 14 Jahre: 26,6%) verursacht. Die Ergebnisse der Serotypisierung mittels Antisera werden seit dem Jahr 2024 mit jenen des ShigaTyper verglichen. Der ShigaTyper ist ein schnelles und einfaches Tool zur Bestimmung des *Shigella*-Serotyps mithilfe von Illumina (Single- oder Paired-End) oder Oxford Nanopore-Reads. Als Basis für die Auswertung in der Referenzzentrale dienen die FASTQs der Ganzgenomsequenzierung. *S. sonnei* besteht nur aus einem Serovar, kann aber in glatter und rauher Formen in Erscheinung treten: *Shigella sonnei* form I und *Shigella sonnei* form II. Die Spezies *S. sonnei* konnte in drei Fällen durch die ShigaTyper Analyse nicht identifiziert werden. Durch die Auswertung mit dem ShigaTyper-Tool konnte ein neuer Subtyp von *S. flexneri* identifiziert werden (*S. flexneri* 1c/7a). Auf Spezies-Ebene werden die mikrobiologischen Analysen wie auch die ShigaTyper Analysen mit den Sequenzauswertungen mittels Ridom Typer verglichen. Diese Analysen ergaben, dass die Ridom Typer Analysen für die beiden *S. boydii* Stämme (Serovar 4 und 18) und für die vier *S. flexneri* Serovar 6 Stämme keine Identifizierung als Shigella ermöglichte. Stattdessen wurden diese Fälle als *E. coli* identifiziert.

Der Anteil an Shigella Erkrankungen in den unterschiedlichen Altersgruppen entspricht dem gewohnten Bild der vergangenen Jahre (Abbildung 2). Der Anteil an männlichen Shigellose-Fällen ist im Vergleich zu den weiblichen Shigellose-Fällen im Jahr 2025 wieder deutlich höher. Eine mögliche Ursache ist die Tatsache, dass die Shigellose auch zu den sexuell übertragbaren Infektionen (STI) zählt und vermehrt durch ungeschützten anal-oralen Kontakt unter GBMSM (Gay, Bisexual and other Men who have Sex with Men) verbreitet werden kann. In diesem Zusammenhang spielt die Aufklärung zum Schutz vor Ansteckung weltweit eine bedeutende Rolle (Abbildung 3).

Die Phagentypisierung der isolierten *S. sonnei*-Stämme hat, wie auch in den Jahren zuvor, ergeben, dass in Österreich *S. sonnei* Lysotyp 12 Biotyp gl am häufigsten vorkommt (Tabelle 4).

Innerhalb der 107 Erstisolate konnten 49 ESBL-Bildner identifiziert werden (45,8%). Dieser Anteil, sowie die Anteile an Ciprofloxacin (34,6%) und Nalidixinsäure (45,8%) Resistenzen

bleiben auch für das Jahr 2025 auf hohem Niveau (Abbildung 5 und 6). In Industrieländern werden *Shigella*-Infektionen meist durch *S. sonnei* verursacht. Es handelt sich dabei oft um milde Erkrankungen, bei denen eine Antibiotika-Therapie nicht zwingend erforderlich ist, jedoch zur Verhinderung von Sekundärinfektionen indiziert sein kann. Aufgrund des hohen Anteils an resistenten Erregern unter den Shigellen ist neben der diagnostischen Keimidentifizierung auch die Überprüfung des Isolates durch ein Antibiogramm erforderlich.

Im Jahr 2025 ereignete sich ein internationaler Ausbruch, der durch multiresistente *Shigella sonnei* ST152 Stämme verursacht wurde. Insgesamt wurden 86 Fälle im Vereinigten Königreich sowie in Österreich, Belgien, Frankreich, Deutschland, Irland, den Niederlanden und Norwegen identifiziert. Insgesamt berichteten 79 % über internationale Flugreisen vor dem Auftreten der Symptome. Als plausibelste Infektionsquelle wurde eine Kontamination der Bordverpflegung durch eine infizierte Person in der Catering-Einrichtung einer Fluggesellschaft identifiziert. Die in diesen Ausbruch involvierten Stämme von Patienten aus Österreich wurden dem Complex Type 59586 (*E. coli* cgMLST) zugeordnet (Tabelle 5).

Die sich aus der Ganzgenomsequenzierung abgeleiteten Clusteranalysen mittels Ridom Typer zeigten bei *S. sonnei* im Fall des Clusters 1 eindeutig einen Zusammenhang mit Auslandsaufenthalt in der Türkei. Bei den Clustern 4 bis 8 ist hervorzuheben, dass es sich hauptsächlich um Fälle bei Männern handelt, was für eine Übertragung über GBMSM (Gay, Bisexual and other Men who have Sex with Men) spricht (Tabelle 5).

Bei den clusterbildenden *S. flexneri*-Stämmen ist für das Jahr 2025 überwiegend von einer innerösterreichischen Verbreitung auszugehen (Tabelle 6). In den Clustern 1 und 2 sind ausschließlich Männer betroffen. Der häufigste Serotyp, *S. flexneri* 2a, gilt in Europa als endemisch und wird zunehmend mit der Ausbreitung hochresistenter (extensively drug-resistant, XDR) Varianten in Verbindung gebracht. Diese werden insbesondere im Kontext sexuell übertragener Infektionen (STI) bei Männern, die Sex mit Männern haben (MSM), beschrieben.

Danksagung

Die Nationale Referenzzentrale für Shigellen dankt allen einsendenden Labors sowie den beteiligten Behörden und Ärztinnen und Ärzten für die Zusammenarbeit

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Vorkommen von <i>S. sonnei</i> und <i>S. flexneri</i> in Österreich, 2012-2025 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)	7
Abbildung 2: Altersverteilung der gemeldeten Shigellose-Fälle, Österreich, 2025 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)	8
Abbildung 3: Geschlechtsverteilung der gemeldeten Shigellose-Fälle, Österreich, 2025 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)	9
Abbildung 4: Resistenzen bei Shigellen, Österreich, 2025 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)	10
Abbildung 5: Nalidixinsäure- und Ciprofloxacin-Resistenzen bei Shigellen, Österreich, 1999-2025 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)	11
Abbildung 6: <i>Shigella</i> spp. - ESBL-Bildner (in %), Österreich, 2006-2025 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)	11
Abbildung 7: Gemeldete bestätigte Shigellose-Fälle in Österreich, 1990-2025 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)	12
Abbildung 8: Saisonaler Verlauf der Shigellose, Österreich, 2025 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)	12

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Kultureinsendungen an die Shigella-Referenzzentrale, Österreich, 2025	5
Tabelle 2: Prozentueller Anteil an bestätigten Shigellosen in den unterschiedlichen Altersgruppen im Vergleich zur altersspezifischen Inzidenz, Österreich 01.01.2025 - 31.12.2025 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)	8
Tabelle 3: Prozentueller Anteil an bestätigten Shigella-Erkrankungen bei Männern und Frauen im Vergleich zur geschlechtsspezifischen Inzidenz, Österreich 01.01.2025 - 31.12.2025 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)	9
Tabelle 4: Lysotypen und Biotypen von <i>Shigella sonnei</i> , Österreich, 2025	10
Tabelle 5: Sequence Types und Complex Types in den 13 unterschiedlichen Clustern von <i>Shigella sonnei</i> , Österreich, 2025 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)	13
Tabelle 6: Sequence Types und Complex Types in den 3 unterschiedlichen Clustern von <i>Shigella flexneri</i> , Österreich, 2025 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)	14



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, September 2026