



# Nationale Referenzzentrale für Shigellen

**Jahresbericht 2024**

Mag.<sup>a</sup> Dr.<sup>in</sup> Ingeborg Lederer

13.08.2025

# Inhalt

---

Inhalt.....	2
Zusammenfassung .....	3
Summary.....	3
Einleitung.....	4
Resultate.....	4
Diskussion .....	15

## Zusammenfassung

---

Im Jahr 2024 wurden in Österreich 88 bestätigte Fälle von Infektionen mit Shigellen gemeldet. Die Zahl der an der Referenzzentrale eingelangten humanen *Shigella* -Erstisolate betrug 98, das entspricht einer Inzidenz von rund 1,1 pro 100.000 Personen. Die vorherrschende Spezies war *Shigella sonnei* mit 59,2%. Sechs Isolate waren gegenüber allen getesteten antimikrobiellen Wirkstoffgruppen sensibel. Bei 35 Isolaten konnte eine Resistenz gegen Ciprofloxacin nachgewiesen werden, bei insgesamt 44 Stämmen eine Nalidixinsäure Resistenz. Es wurden 36 *Shigella*-Isolate als ESBL (Extended spectrum  $\beta$ -lactamase)-Bildner identifiziert.

## Summary

---

In Austria 88 cases of shigellosis were reported to the health authorities in 2024. A total of 98 human *Shigella*-initial-isolates were investigated by the National Reference Centre, corresponding to an incidence rate of 1.1 per 100,000 inhabitants. The predominant species was *Shigella sonnei*, accounting for 59.2% of initial isolates. Resistance testing revealed that six strains were sensitive against all substances tested. We detected resistance against ciprofloxacin in 35 strains and resistance against nalidixic acid in 44 isolates; 36 *Shigella* isolates were ESBL (extended spectrum  $\beta$ -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 Serovaren 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 2024 in Summe 160 Kulturen bearbeitet. Drei Isolate waren Ringversuchen zuzuordnen. Bei 48 Einsendungen waren keine Shigellen nachzuweisen. Es wurden 98 *Shigella*-Erstisolate nachgewiesen. (Tabelle 1)

Tabelle 1: Kultureinsendungen an die *Shigella*-Referenzzentrale, Österreich, 2024

Projekt	Genus/Ergebnis	Species	Anzahl
Diagnostik	<i>Shigella</i>	<i>sonnei</i>	58
Diagnostik	<i>Shigella</i>	<i>flexneri</i>	40
Diagnostik	<i>Escherichia</i>	<i>albertii</i>	1
Diagnostik	<i>Escherichia</i>	<i>hermanii</i>	1
Diagnostik	<i>Escherichia</i>	<i>coli</i>	42
Diagnostik	EAEC		2
	EAEC, EIEC, EPEC		1
	EAEC, VTEC		1

	EAEC, EIEC		1
	EAEC, EPEC		1
	EIEC		3
	EPEC		5
	VTEC		4
	apathogen		24
<b>Diagnostik</b>	<i>Morganella</i>	<i>morganii ssp. morganii</i>	3
<b>Diagnostik</b>	<i>Klebsiella</i>	<i>pneumoniae</i>	1
<b>Ringversuch</b>	<i>Shigella</i>	<i>sonnei</i>	3
<b>Doppeleinsendungen</b>	-	-	11
<b>Gesamt</b>	-	-	<b>160</b>

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

Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)

Den größten Anteil unter den an die Referenzzentrale eingesandten Isolaten bildete *S. sonnei* (n=58; 59,2%), gefolgt von *S. flexneri* (n=40; 40,8%) (Abbildung 1). Im Jahr 2024 wurden weder *S. dysenteriae* noch *S. boydii* Stämme registriert. In den Abbildungen 2 und 3 sind Alters- bzw. Geschlechtsverteilung dargestellt. Tabelle 2 führt die für *S. sonnei* gefundenen Lysotypen und Biotypen an. Die Ergebnisse der Typisierung durch Agglutination der Stämme mittels Antisera wurden mit den Resultaten der Serotypisierung auf genetischer Ebene mittels Shigatyper (CFSAN-Biostatistics) verglichen. *S. sonnei* Stämme zeigten 100%-ige Übereinstimmung. Von den 40 *S. flexneri* Stämmen zeigte der Vergleich der beiden Methoden bei einem Isolat ein unterschiedliches Ergebnis. *S. flexneri* Variante X ergab bei der Analyse mittels Shigatyper *S. flexneri* novel serotype. Ein weiteres *S. flexneri* Isolat, welches durch Agglutination nur bis zum Serotyp 1 bestimmt werden konnte, zeigte durch die Shigatyper Analyse auch den Subtyp 1c an.

Insgesamt waren sechs *Shigella* -Isolate gegenüber allen getesteten Substanzen sensibel. Abbildung 4 zeigt die Resistenzen der *Shigella* -Stämme des Jahres 2024 gegen die getesteten Antibiotika. Bei 35 Isolaten (35,7 %) wurde eine Resistenz gegen Ciprofloxacin (Ci) nachgewiesen. Die Nalidixinsäure (Nx) Resistenzrate betrug 44,9 %. Abbildung 5 zeigt die Resistenzentwicklung gegenüber Nalidixinsäure und Ciprofloxacin für die letzten 26 Jahre in Österreich.

2024 ergaben die Analysen 36 ESBL (extended spectrum  $\beta$ -lactamase) Bildner. In Österreich wurden ESBL-bildende Shigellen erstmals im Jahr 2009 identifiziert (Abbildung 6).

Abbildung 7 zeigt die bestätigten Shigellosen in Österreich, 88 Fälle waren es im Jahr 2024. Daraus ergab sich die Inzidenz von 1,1 pro 100.000 Einwohner (Quelle: Statistik Austria / Bevölkerung im Jahresdurchschnitt 2024). Für rund 36% der bestätigten Fälle konnte ein Zusammenhang mit Auslandsaufenthalten nachgewiesen werden, wobei Ägypten und

Marokko die am häufigsten angegebenen Länder waren. Die saisonale Verteilung der unterschiedlichen Spezies ist in der Abbildung 8 dargestellt.

Durch die Ganzgenom-Analysen der sequenzierten Shigellen konnten acht *S. sonnei* Cluster und sieben *S. flexneri* Cluster identifiziert werden. (Abbildungen 9 und 10). Die Ergebnisse der auf der Ganzgenom-Sequenzierung basierenden MLST (Multilocus Sequence Typing) und cgMLST-(core genome Multilocus Sequence Typing) Analysen sind in den Tabellen 3 und 4 aufgelistet.

Abbildung 1: Vorkommen von *S. sonnei* und *S. flexneri* in Österreich, 2012-2024 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)

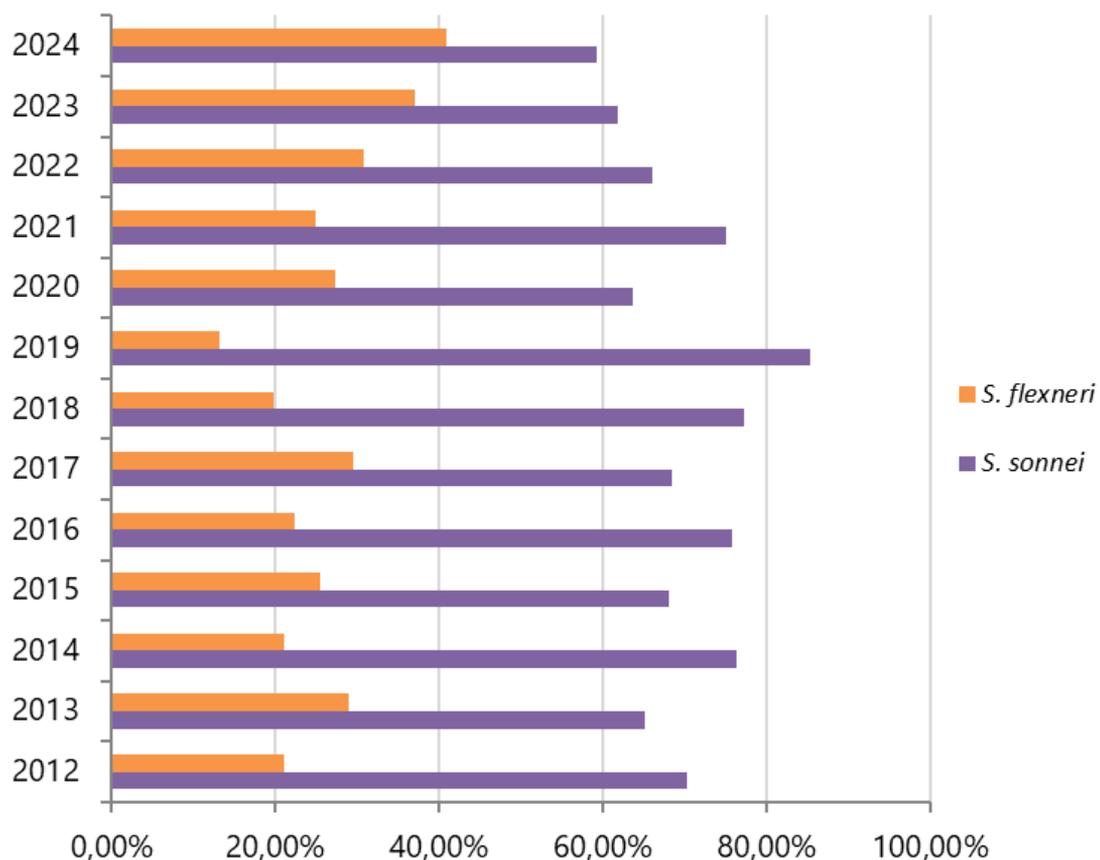


Abbildung 2: Altersverteilung der gemeldeten Shigellose-Fälle, Österreich, 2024 (Datenquelle: EMS/AGES: Infektionsepidemiologie)

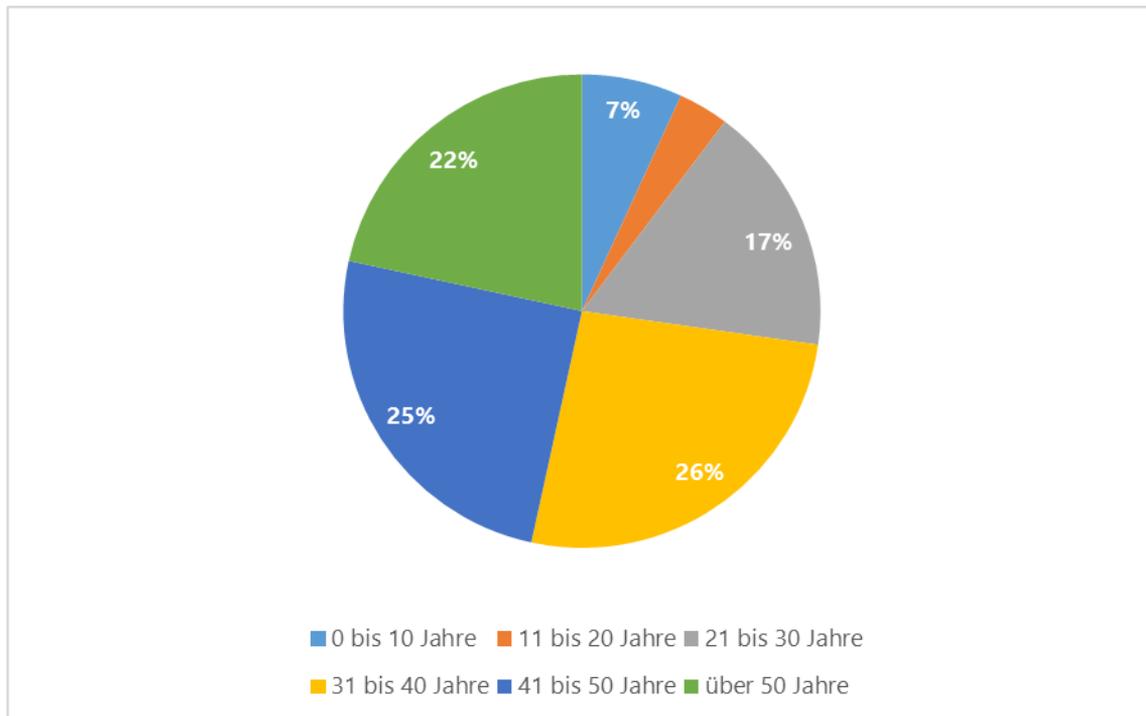


Abbildung 3: Geschlechtsverteilung der gemeldeten Shigellose-Fälle, Österreich, 2024 (Datenquelle: EMS/AGES, Infektionsepidemiologie)

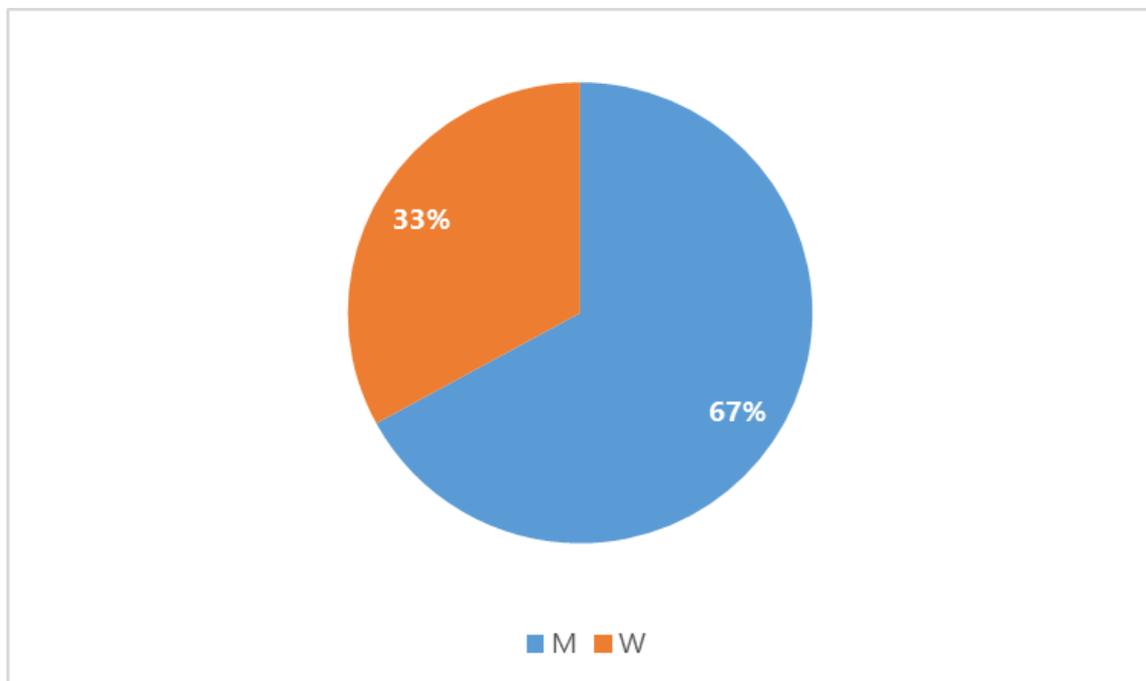
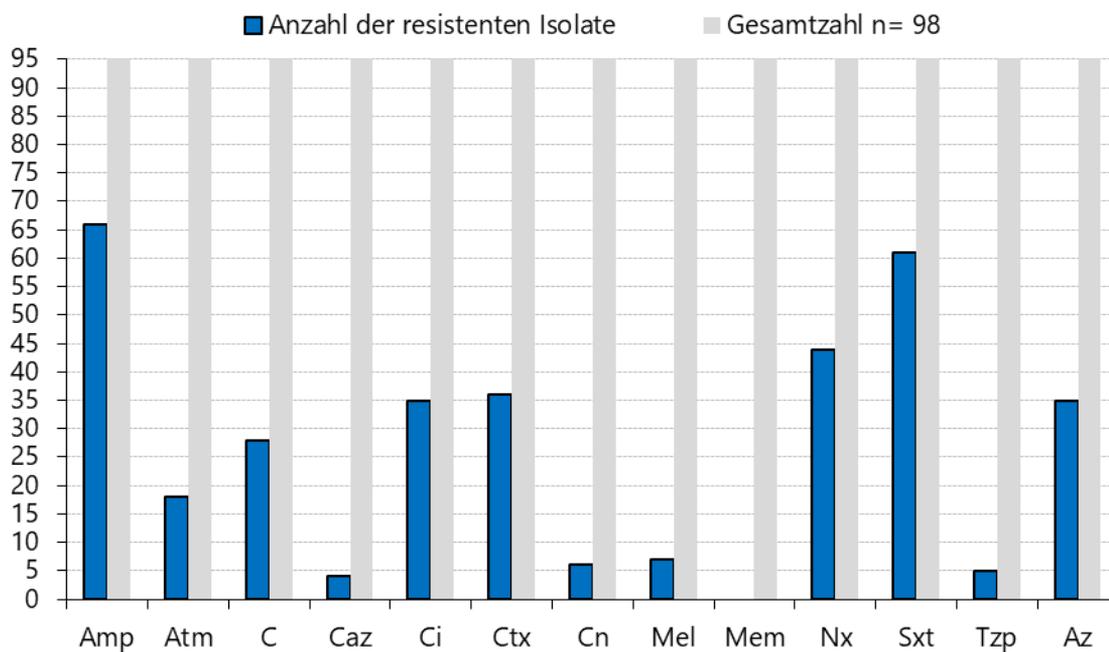


Tabelle 2: Lysotypen und Biotypen von *Shigella sonnei*, Österreich, 2024

Lysotyp	Biotyp	Anzahl
12	gl	40
17	gl	2
65	ab	2
6	gl	1
nc	gl	13

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

Abbildung 4: Resistenzen bei Shigellen, Österreich, 2024 (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, 1999–2024 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)

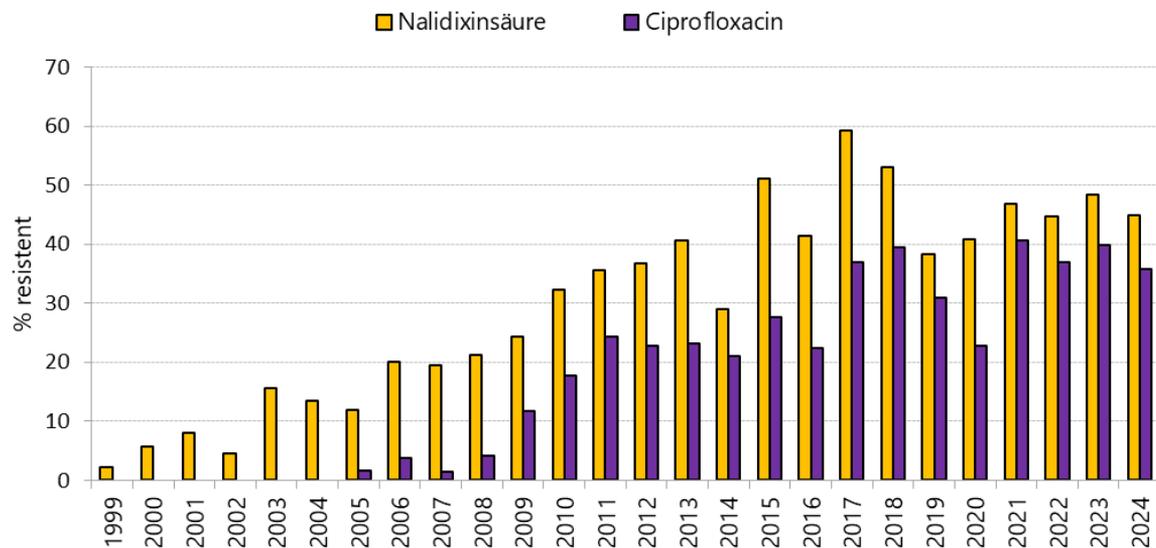


Abbildung 6: Shigella spp. – ESBL-Bildner (in %), Österreich, 2006–2024 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)

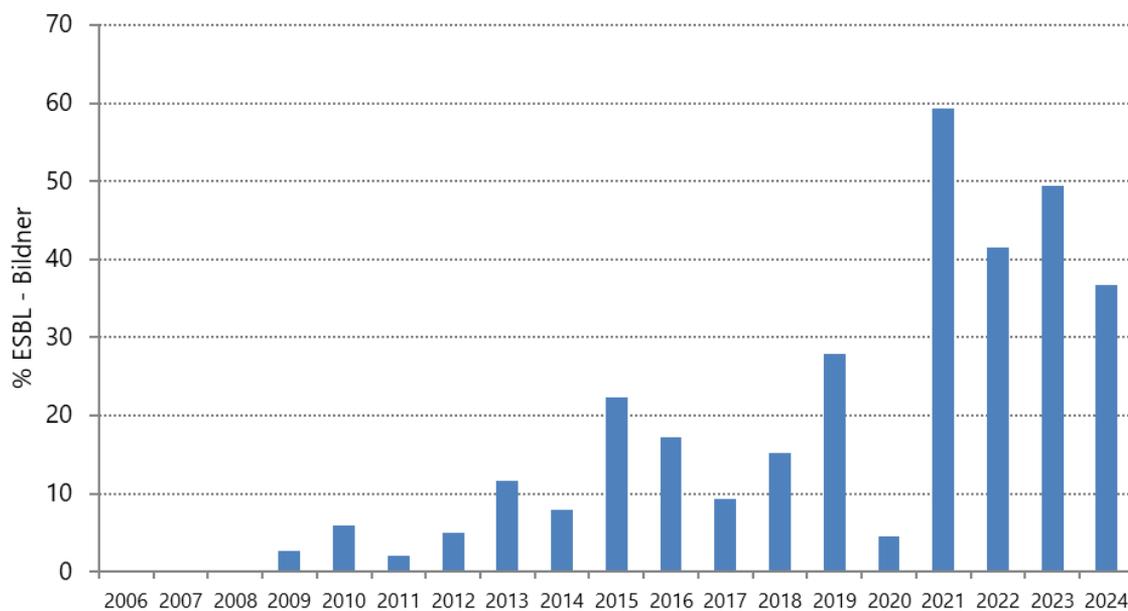


Abbildung 7: Gemeldete bestätigte Shigellose-Fälle in Österreich, 1990–2024 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)

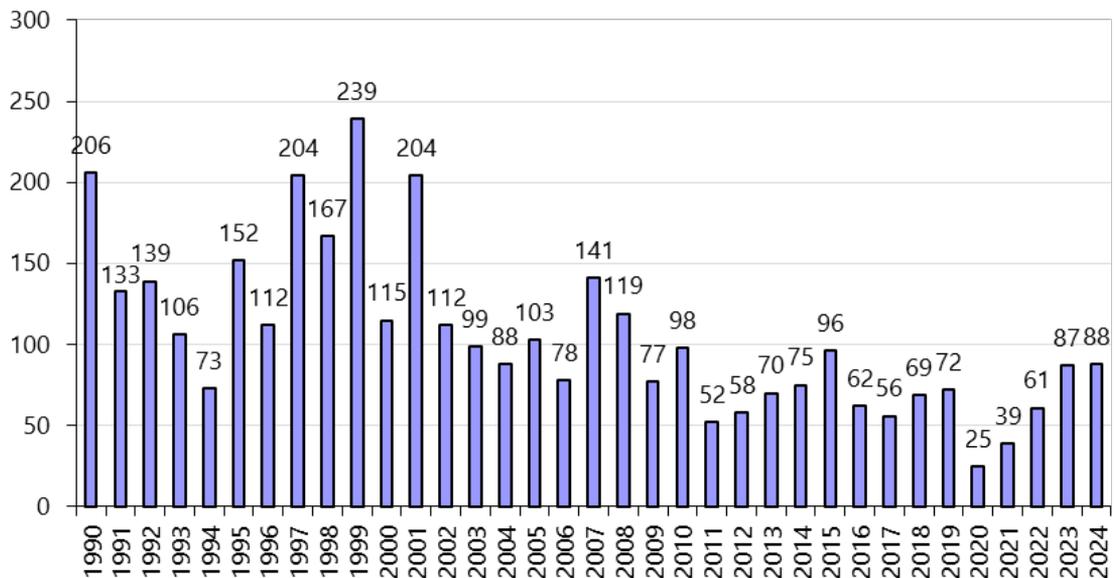


Abbildung 8: Saisonaler Verlauf der Shigellose, Österreich, 2024 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)

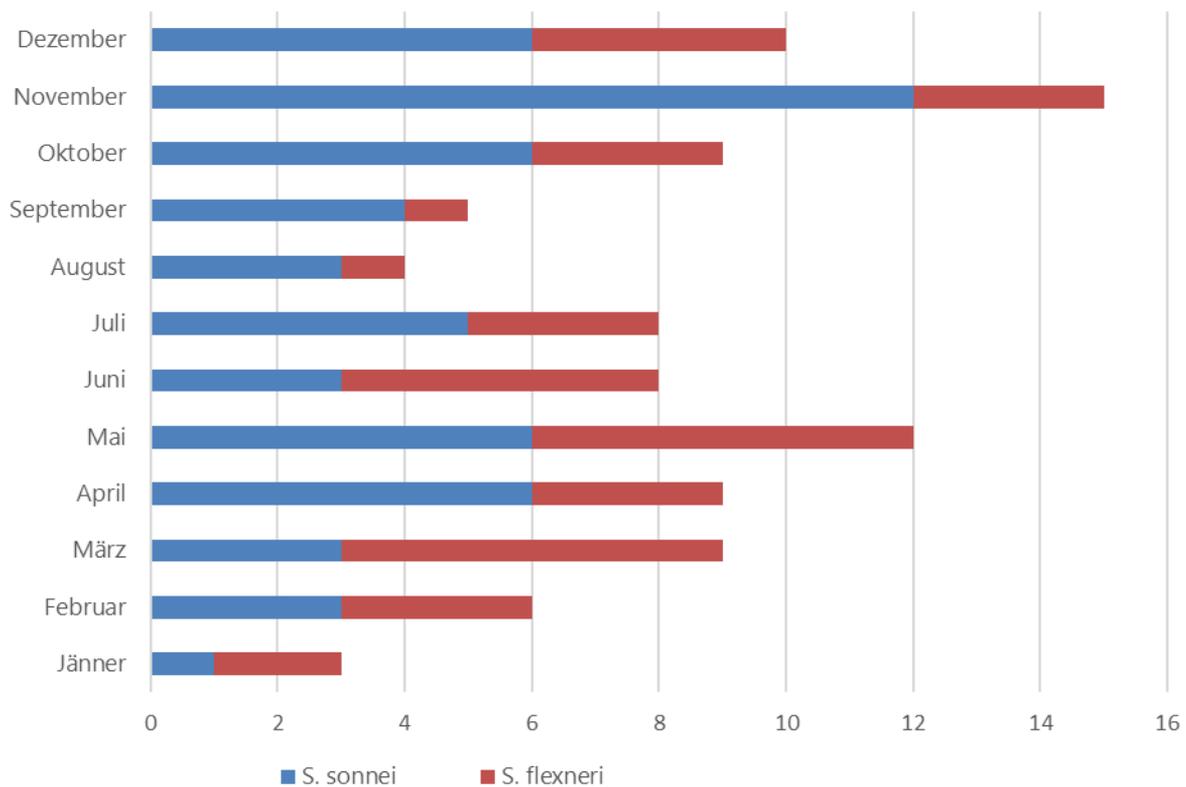
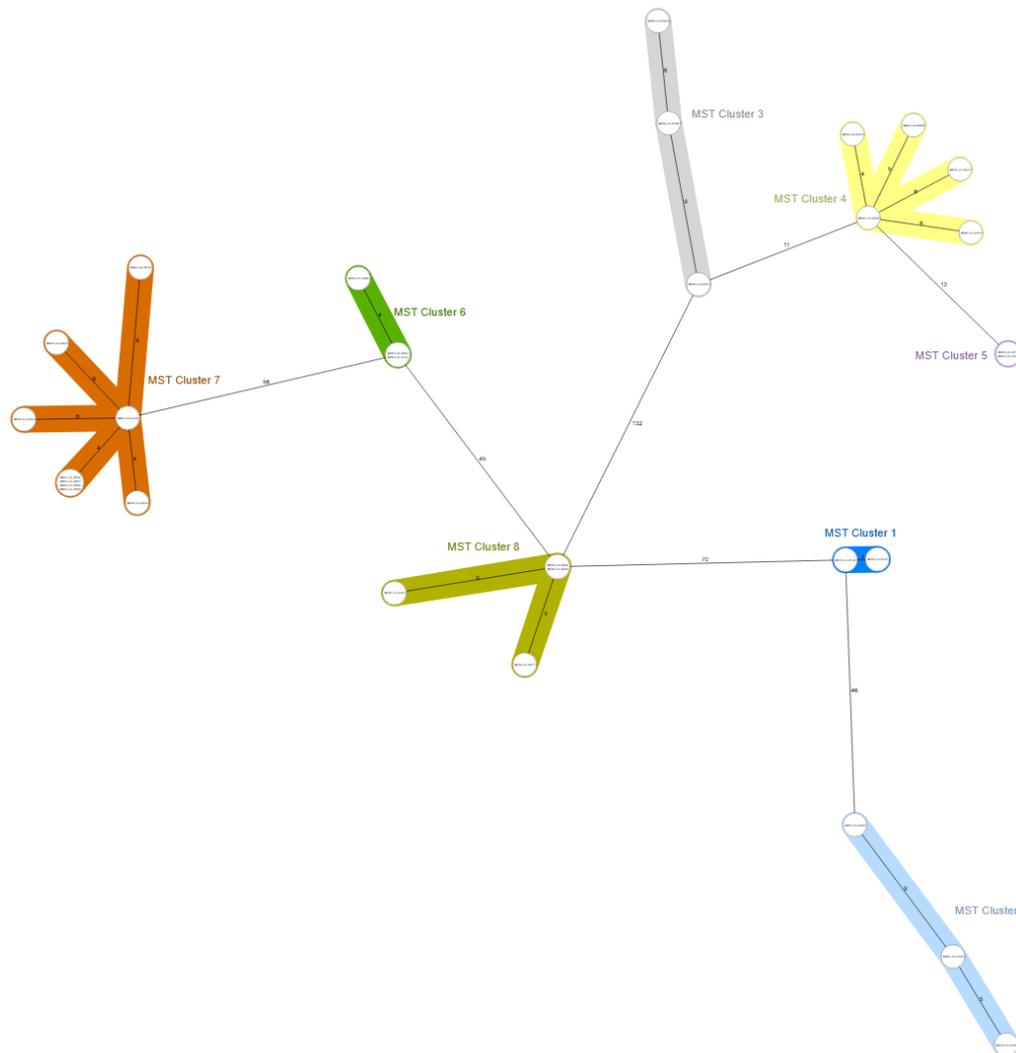


Tabelle 3: Sequence Types und Complex Types in den 8 unterschiedlichen Clustern von *Shigella sonnei*, Österreich, 2024 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)

Cluster	ST	CT	Geschlecht	Alter	Erkr.-Dat.	BL	importiert
1	152	13314	weiblich	47	16.10.2024	STMK	Marokko
1	152	13314	männlich	57	24.10.2024	K	Marokko
2	152	17315	männlich	26	30.04.2024*	S	n.i.
2	152	17315	weiblich	32	14.11.2024	W	Marokko
2	152	17315	weiblich	54	21.10.2024	T	Marokko
3	152	38723	weiblich	55	04.02.2024	OÖ	Ägypten
3	152	12627	weiblich	59	08.08.2024	NÖ	Ägypten
3	152	38723	männlich	57	02.12.2024	STMK	n.i.
4	152	12627	weiblich	42	02.02.2024	OÖ	n.i.
4	152	12627	weiblich	22	14.03.2024*	NÖ	n.i.
4	152	12627	weiblich	41	30.04.2024	NÖ	Ägypten
4	152	12627	männlich	70	15.11.2024	OÖ	Ägypten
4	152	12627	weiblich	42	12.12.2024	V	n.i.
5	152	55490	männlich	50	19.09.2024	STMK	Ägypten
4	152	55490	weiblich	46	15.11.2024*	NÖ	n.i.
6	152	17835	männlich	21	03.04.2024	W	n.i.
6	152	17835	männlich	31	27.03.2024	W	n.i.
6	152	17835	männlich	26	11.11.2024	W	n.i.
7	152	18094	männlich	60	01.01.2024	T	n.i.
7	152	18094	männlich	44	15.04.2024	S	n.i.
7	152	18094	weiblich	35	22.05.2024	W	n.i.
7	152	18094	männlich	34	17.04.2024	W	n.i.
7	152	18094	männlich	30	17.06.2024	W	n.i.
7	152	18094	männlich	28	23.07.2024**	OÖ	n.i.
7	152	18094	männlich	58	02.09.2024	W	n.i.
7	152	18094	männlich	36	01.11.2024	STMK	n.i.
7	152	18094	männlich	50	02.12.2024	W	Spanien
8	152	18218	männlich	48	17.05.2024*	NÖ	Costa Rica
8	152	58887	männlich	32	14.10.2024	W	Österreich

ST: Sequence Type (E. coli MLST\_Warwick), CT: Cluster Type (E. coli cgMLST), BL: Bundesland, \*Diagnosedatum, \*\*Meldedatum, n.i.: nicht importiert, STMK: Steiermark, K: Kärnten, S: Salzburg, W: Wien, T: Tirol, OÖ: Oberösterreich, NÖ: Niederösterreich, V: Vorarlberg

Abbildung 9: Minimum Spanning Tree von Cluster bildenden *Shigella sonnei* Stämmen , Österreich, 2024 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)



Ridom SeqSphere+ MST for 31 Samples. Distance based on columns from E. coli cgMLST (2511), MST Cluster distance threshold: 10, E. coli cgMLST Complex Type / Clustering Distance: 10

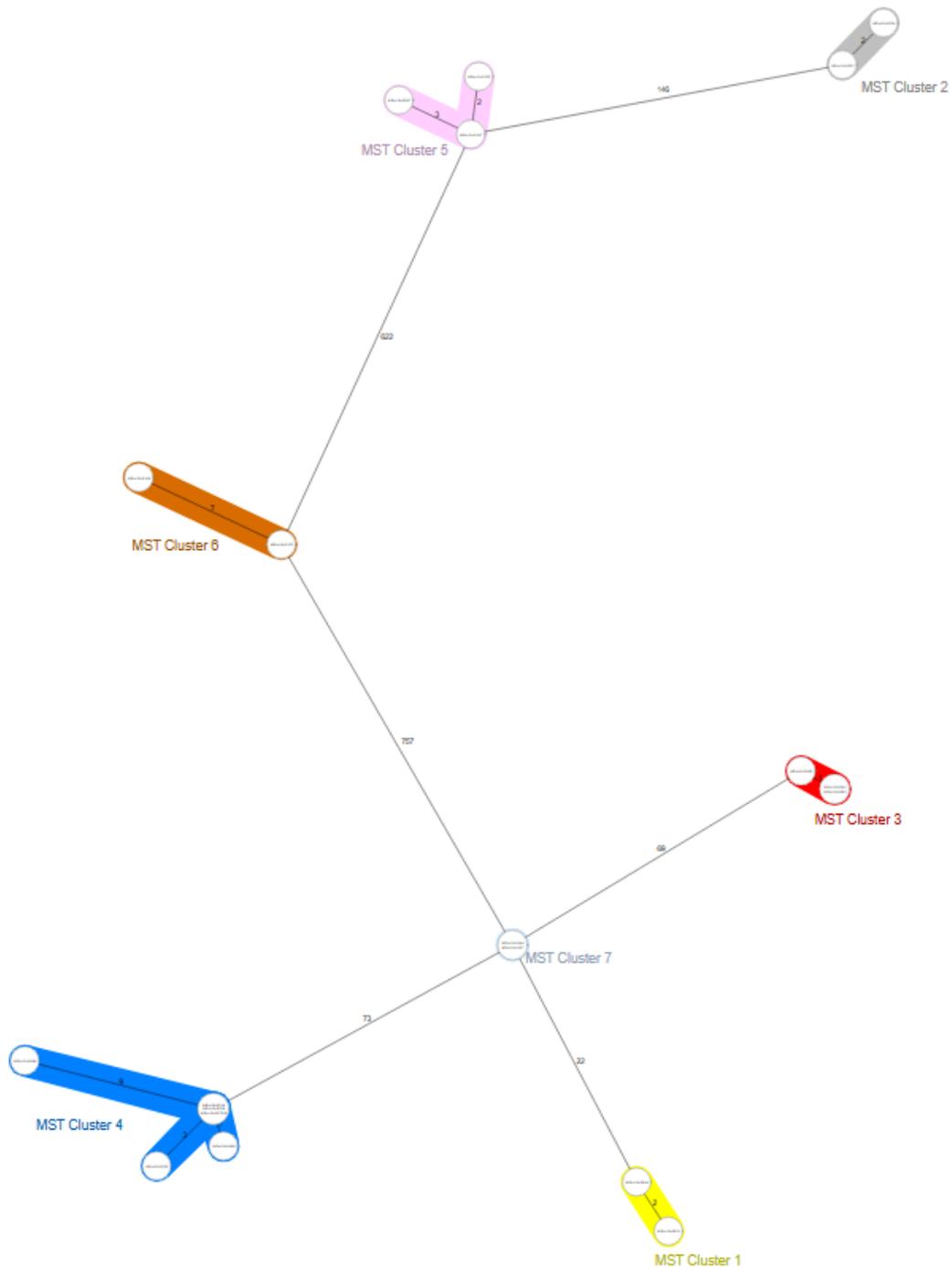
Tabelle 4: Sequence Types und Complex Types in den 7 unterschiedlichen Clustern von *Shigella flexneri*, Österreich, 2024 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)

Cluster	SV	ST	CT	Geschl.	Alter	Erkr.-Dat.	BL	importiert
1	2a	245	32012	männlich	48	09.01.2024*	T	n.i.
1	2a	245	32012	männlich	37	02.04.2024*	T	n.i.
2	1c	245	12763	männlich	31	11.02.2024	S	Domin. Rep.
2	1c	245	36792	männlich	26	19.02.2024	W	n.i.
3	2a	245	11493	männlich	33	23.06.2024	NÖ	n.i.
3	2a	245	11493	männlich	34	17.05.2024*	OÖ	n.i.
3	2a	245	11493	männlich	58	17.05.2024*	T	n.i.

<b>4</b>	2a	245	17286	männlich	23	03.01.2024	W	n.i.
<b>4</b>	2a	245	17286	männlich	53	07.02.2024*	T	n.i.
<b>4</b>	2a	245	17286	männlich	21	30.04.2024	W	n.i.
<b>4</b>	2a	245	17286	männlich	23	30.04.2024	W	n.i.
<b>4</b>	2a	245	17286	männlich	21	06.06.2024	W	n.i.
<b>4</b>	2a	245	17286	männlich	35	02.12.2024*	T	n.i.
<b>5</b>	1b	245	24260	männlich	43	09.07.2024*	W	Spanien
<b>5</b>	1b	245	24260	männlich	33	16.10.2024**	V	n.i.
<b>5</b>	1b	245	24260	männlich	43	28.10.2024*	S	n.i.
<b>6</b>	4a	245	59147	männlich	41	24.11.2024	OÖ	n.i.
<b>6</b>	4a	245	59147	weiblich	32	26.11.2024	OÖ	n.i.
<b>7</b>	2a	245	15358	männlich	10d*	14.11.2024	W	n.i.
<b>7</b>	2a	245	15358	männlich	43	09.12.2024	NÖ	n.i.

SV: Serovar, ST: Sequence Type (E. coli MLST\_Warwick), CT: Cluster Type (E. coli cgMLST), BL: Bundesland, \*Diagnosedatum, \*\*Meldedatum, n.i.: nicht importiert, STMK: Steiermark, K: Kärnten, S: Salzburg, W: Wien, T: Tirol, OÖ: Oberösterreich, NÖ: Niederösterreich, V: Vorarlberg

Abbildung 10: Minimum Spanning Tree von Cluster bildenden *Shigella flexneri* Stämmen , Österreich, 2024 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)



Ridom SeqSphere+ MST for 20 Samples. Distance based on columns from E. coli cgMLST (2511), MST Cluster distance threshold: 10, E. coli cgMLST Complex Type / Clustering Distance: 10

## Diskussion

---

Im Jahr 2024 wurden 88 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.

Die Inzidenz der Shigellose in Österreich wird im Jahr 2024 aus der Anzahl der in der Referenzzentrale eingelangten Erstisolate (n:98) berechnet und betrug 1,1 / 100.000 EW. Im Jahr davor wurde aufgrund der gemeldeten bestätigten Fälle eine Inzidenz von 1,0 / 100.000 EW registriert.

2024 war in 36% der bestätigten Fälle ein Zusammenhang mit Auslandsaufenthalten registriert worden.

Im Jahr 2024 wurde kein Todesfall in Zusammenhang mit einer Shigella-Erkrankung gemeldet.

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.

Shigellosen werden in Österreich hauptsächlich durch *S. sonnei* (Anteil im Mittel in den letzten 13 Jahre: 70,2%) und *S. flexneri* (Anteil im Schnitt in den letzten 13 Jahre: 26,3%) verursacht. Die Ergebnisse der Serotypisierung mittels Antisera wurden in diesem Jahr 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 Übereinstimmung bei *S. sonnei* betrug 100%. Durch die Auswertung mit dem ShigaTyper-Tool konnte ein neuer Subtyp von *S. flexneri* identifiziert werden (*S. flexneri* 1c). Nur ein Stamm zeigte ein differentes Ergebnis (*S. flexneri* Variante X versus *S. flexneri* novel serotype).

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 2024 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 MSM (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 2).

Innerhalb der 98 Erstisolate konnten 36 ESBL-Bildner identifiziert werden (35,7%). Dieser Anteil, sowie die Anteile an Ciprofloxacin (35,7%) und Nalidixinsäure (44,9%) Resistenzen bleiben auch für das Jahr 2024 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.

Die sich aus der Ganzgenomsequenzierung abgeleiteten Clusteranalysen zeigten bei *S. sonnei* einerseits einen Zusammenhang mit Auslandsaufenthalten und andererseits beim Cluster Typ 18094 einen Zusammenhang mit einem STI Ausbruch unter MSM in mehreren europäischen Ländern, welcher jedoch erst 2025 über das online Portal EpiPulse gemeldet wurde. Erhebungen zu diesen Fällen sind noch in Arbeit.

Bei den Cluster bildenden *S. flexneri* Stämmen ist 2024 hauptsächlich von einer innerösterreichischen Verbreitung auszugehen. Der häufigste Serotyp *S. flexneri* 2a gilt in Europa als endemisch und wird vermehrt mit der Verbreitung hochresistenter [extensively drug-resistant (XDR)]Varianten dieses Subserotyps als STI in Verbindung gebracht. In den kommenden Jahren ist in Zusammenarbeit mit den Gesundheitsbehörden geplant, erweiterte Erhebungen zur Übertragung nicht importierter Shigellosen durchzuführen.

## 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, 2012-2024 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)	6
Abbildung 2: Altersverteilung der gemeldeten Shigellose-Fälle, Österreich, 2024 (Datenquelle: EMS/AGES: Infektionsepidemiologie)	7
Abbildung 3: Geschlechtsverteilung der gemeldeten Shigellose-Fälle, Österreich, 2024 (Datenquelle: EMS/AGES, Infektionsepidemiologie)	7
Abbildung 4: Resistenzen bei Shigellen, Österreich, 2024 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)	8
Abbildung 5: Nalidixinsäure- und Ciprofloxacin-Resistenzen bei Shigellen, Österreich, 1999–2024 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)	9
Abbildung 6: <i>Shigella</i> spp. – ESBL-Bildner (in %), Österreich, 2006–2024 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)	9
Abbildung 7: Gemeldete bestätigte Shigellose-Fälle in Österreich, 1990–2024 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)	10
Abbildung 8: Saisonaler Verlauf der Shigellose, Österreich, 2024 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)	10
Abbildung 9: Minimum Spanning Tree von Cluster bildenden <i>Shigella sonnei</i> Stämmen , Österreich, 2024 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)	12
Abbildung 10: Minimum Spanning Tree von Cluster bildenden <i>Shigella flexneri</i> Stämmen , Österreich, 2024 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)	14

## Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Kultureinsendungen an die Shigella-Referenzzentrale, Österreich, 2024	4
Tabelle 2: Lysotypen und Biotypen von <i>Shigella sonnei</i> , Österreich, 2024	8
Tabelle 3: Sequence Types und Complex Types in den 8 unterschiedlichen Clustern von <i>Shigella sonnei</i> , Österreich, 2024 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)	11
Tabelle 4: Sequence Types und Complex Types in den 7 unterschiedlichen Clustern von <i>Shigella flexneri</i> , Österreich, 2024 (Datenquelle: NRZ für Shigellen, AGES)	12