



# ÖGHMP

Österreichische Gesellschaft  
für Hygiene, Mikrobiologie und  
Präventivmedizin

# 37. JAHRESTAGUNG

31. Mai – 02. Juni 2022

Kongresshaus Bad Ischl



Foto: ©www.badischl.at

# ABSTRACTS

# VORTRÄGE

wir mit Sequenziermethoden die Verwandtschaft der gesammelten Umweltstämme von *V. cholerae* bestimmen, sowie die Pathogenitätsfaktoren aufzeigen.

Auf der Grundlage dieser Daten, kombiniert mit den ökologischen Informationen, werden Vorhersagemodelle für die geographische Verbreitung und für die saisonalen und temperaturbedingten Schwankungen der Konzentrationen dieser Krankheitserreger in Badegewässern entwickelt. Einerseits liefert dies wichtige Informationen für die nationalen Gesundheitsbehörden über das Vorkommen von NTVC in Badegewässern und dient als Grundlage für Risikoabschätzungen für Badegäste. Andererseits können die gefundenen Zusammenhänge und Modelle auch auf andere geographische Regionen übertragen werden.

### **V 35 Die Donau: human-induzierte Antibiotikaresistenzen der Enterobacteriaceae-Populationen im Vergleich**

Michael Koller (1), Julia Nürnberger (1), Kerstin Hack (1), Irina Dielacher (1), Julian Wachter (1), Benjamin Hoffer (1), Sophie Kohlmaier (1), Christin Hagendorfer (1), Medina Kapic (1), Julia Gütl (1), Polina Arsenijevic (1), Iris Schachner (2, 7), Stefan Jakwerth (2, 7), Stojimir Kolarević (3), Margareta Kračun-Kolarević (3), Erika Tóth (4), Domenico Savio (5, 6, 7), Andreas H. Farnleitner (5, 6, 7), Clemens Kittinger (1), Alexander K.T. Kirschner (2, 5, 7), Gernot Zarfel (1), 1 Institut für Hygiene, Mikrobiologie und Umweltmedizin, Medizinische Universität Graz, Österreich, 2 Institut für Hygiene und Angewandte Immunologie, Wassermikrobiologie, Medizinische Universität Wien, Österreich, 3 Institute for Biological Research "Siniša Stanković", National Institute of Republic of Serbia, Department for Hydroecology and Water protection, University of Belgrade, Serbia, 4 Department of Microbiology, Eötvös Loránd University, Budapest, Hungary, 5 Fachbereich Wasserqualität und Gesundheit, Karl Landsteiner Universität für Gesundheitswissenschaften, Krems, Österreich, 6 Institut für Verfahrenstechnik, Umwelttechnik und technische Biowissenschaften, Technische Universität Wien, Österreich, 7 Interuniversitäres Kooperationszentrum Wasser und Gesundheit, [www.waterandhealth.at](http://www.waterandhealth.at)

#### Einleitung

Multiresistente Bakterien sind eine der Herausforderungen für das Gesundheitssystem. In den letzten Jahren treten diese vermehrt in der gesunden Normalbevölkerung, bei Tieren und generell in der Umwelt auf. Inwieweit Verbreitungswege in der Umwelt, wie beispielsweise Fließgewässer diese Problematik fördern, ist noch relativ unerforscht. Vor allem über Aufbau und Verweildauer resistenter Populationen ist wenig bekannt.

#### Aufbau und Methoden der Studie

Im Zuge der vierten „Joint Danube Survey“ (JDS4) wurden Wasserproben an 18 Probennahme-Stellen entlang des gesamten Flussverlaufes entnommen. Aufgrund ihrer klinischen Relevanz wurden *Escherichia coli* und *Klebsiella* spp. isoliert und auf ihre Resistenz gegenüber einundzwanzig bzw. zwanzig Antibiotika aus sieben Klassen getestet. Die so erhaltenen Daten wurden mit den Ergebnissen einer Donau-Studie aus dem Jahr 2016 (JDS3) sowie einer jahreszyklischen Probennahme an drei Stellen der Donau verglichen.

#### Ergebnisse

23,3% von 1635 *E. coli* hatten erworbene Resistenzen und 11,7% waren multiresistent (2016: 629 gesamt, 29,09% resistent, 9,7% multiresistent). Bei Amoxicillin/Clavulansäure, Moxifloxacin und Piperacillin/Tazobactam konnte gegenüber 2016 eine Steigerung der Resistenzrate beobachtet werden, bei Tetracyclin eine Abnahme. Alle untersuchten Isolate waren wie 2016 empfindlich gegenüber Carbapenemen, Colistin, Amikacin und Tigecyclin. 1,4% der Isolate verfügten über Extended-Spectrum-beta-Lactamasen (ESBL; 2016: 0,6%). 15,87% der 630 *Klebsiella*-Isolate hatten erworbene Resistenzen, 0,95% waren multiresistent (2016: 319 gesamt, 13,8% resistent, 2,19% multiresistent). Die häufigsten Resistenzen betrafen Moxifloxacin und Amoxicillin/Clavulansäure. Gegen Carbapeneme, Colistin und Amikacin konnten keine Resistenzen festgestellt werden. Zwei Isolate zeigten einen ESBL-Phänotyp und zwei Isolate waren gegen das Reserveantibiotikum Tigecyclin resistent.

## Diskussion

Betreffend *E. coli* zeigte sich im Vergleich mit den Daten aus dem Jahr 2016 eine sehr ähnliche Verteilung der Resistenz und Multiresistenz, bei den einzelnen Antibiotika allerdings teils starke Veränderungen. Die Anteile der erworbenen Resistenzen in der *Klebsiella*-Population wiesen im Vergleich eine stabilere Verteilung auf. Die Beobachtung, dass die *E. coli* Population sich in puncto erworbener Resistenzen von *Klebsiella* unterscheidet, konnte bestätigt werden.

# SITZUNG 9: LEBENSMITTELHYGIENE

## V 36 Plant-based meat alternatives and its associated microbial communities

Franz-Ferdinand Roch, Monika Dzieciol, Narciso Martin Quijada, Patrick-Julian Mester, Evelyne Selberherr

Unit of Food Microbiology, Institute of Food Safety, Food Technology and Veterinary Public Health, Department for Farm Animals and Veterinary Public Health, University of Veterinary Medicine Vienna

The sales volume of plant-based meat in Austria increased by 59% between 2018 and 2020, accompanied by a sharp increase in product diversity. There have been very few studies to date that have investigated the microbial properties of these foods. In this study, we sampled a selection of plant-based meat alternatives (PBMA, n=32) available in Austria's supermarkets to examine microbial community patterns. Using different agar media sources, we isolated 32 bacterial genera in six different classes (420 bacterial isolates in total) as well as four different yeasts (13 fungi isolates in total). The most abundant isolates belonged to the genus *Bacillus* (n=144; from 19 samples), *Leuconostoc* (n=64; 17 samples), *Enterococcus* (n=35; 12 samples) and *Lactobacillus* (n=26; 9 samples). For the culture independent approach, we extracted DNA directly from the product, followed by 16S rRNA gene targeted metagenomics (Illumina MiSeq sequencing). Amplicon sequencing variants were assigned to four major phyla (with >3% in at least one of the samples; i.e. *Firmicutes*, *Proteobacteria*, *Bacteroidota* and *Actinobacteriota*). *Firmicutes* dominated in 18 samples, while in nine samples *Proteobacteria* were the most abundant. The most common genera were *Leuconostoc* (detected in 26/27 samples; 0.03-99.66% rel. abundance), *Lactobacillus* (detected in 27/27 samples, 0.22-86.75% rel. abundance), *Pseudomonas* (detected in 23/27 samples, 0.08-37.11% rel. abundance), and *Shewanella* (detected in 13/27 samples, 1.07-42.44% rel. abundance). In addition, our planned whole genome sequencing attempts of single isolates, which will be finished this spring, will highlight the relevance for food safety and risk assessment. The broad range of ingredients of these products and processing steps which include many different food technologies lead to many potential sources for bacterial contamination. Further research is needed to understand microbial contamination patterns in alternative protein sources-based products and their production facilities.

## V 37 Stability, growth and decrease of bacteria in fibre-based packaging materials

Paul Jakob Schmid, Nadine Plank, Stephanie Maitz, Sabine Pözl, Clemens Kittinger

D&F Institut für Hygiene, Mikrobiologie und Umweltmedizin, Medizinische Universität Graz, Neue Stiftingtalstraße 2A, Graz; FH Joanneum - University of Applied Sciences, Biomedizinische Analytik, Eggenberger Allee 13, 8020 Graz

Microorganisms can be found ubiquitously and were previously shown to be present also in various types of packaging materials. Although the microbial community of fibre-based packaging materials has been studied extensively for years, the interaction of bacteria with the surrounding packaging matrix still needs more research.

Therefore, this study investigated the survival of food relevant species e.g. *E. coli*, *S. aureus*, *B. cereus* as well as the environmental strains *Cytobacillus firmus* and *Niallia circulans* (directly isolated from packaging material) and bacterial spores of *B. cereus* and *B. subtilis*. All strains were separately spiked into sterilized and homogenized packaging material samples of different fibre types.

# ÖSTERREICHISCHE GESELLSCHAFT FÜR HYGIENE, MIKROBIOLOGIE UND PRÄVENTIVMEDIZIN

ÖGHMP - Österreichische Gesellschaft für Hygiene,  
Mikrobiologie und Präventivmedizin c/o MAW  
Freyung 6, 1010 Wien  
(p) +43-1 536 63-38, (f) +43-1 535 60 16  
(e) [oeghmp@media.co.at](mailto:oeghmp@media.co.at), (w) [www.oeghmp.at](http://www.oeghmp.at)  
ZVR-Zahl: 720944593