Bundesgesundheitsbl 2026 · 69:521–527
https://doi.org/10.1007/s00103-026-04223-9
Eingegangen: 24. Oktober 2025
Angenommen: 10. März 2026
Online publiziert: 13. April 2026
© The Author(s) 2026

Merit Maren Prüß · Sebastian Guenther
Pharmazeutische Biologie, Universität Greifswald, Greifswald, Deutschland

Entstehung und Verbreitung von Antibiotikaresistenzen in der Umwelt durch verstärkten anthropogenen Eintrag von Antibiotikarückständen und resistenten Erregern

Einleitung

Die Entdeckung und breite Anwendung von Antibiotika markierten einen Wendepunkt in der modernen Medizin. Ihr bestimmungsgemäßer und z. T. auch übermäßiger Einsatz in Human- und Veterinärmedizin sowie in der industriellen Tierhaltung hat jedoch erhebliche ökologische Folgen. Antibiotikarückstände gelangen in verschiedene Umweltkompartimente und erzeugen subinhibitorische Selektionsdrücke, die die Verbreitung antimikrobieller Resistenzen begünstigen. Zahlreiche Studien belegen zudem inzwischen eine weltweite Präsenz multiresistenter Erreger in natürlichen Ökosystemen [1, 2]. Diese Entwicklungen verstärken sich gegenseitig und stellen eine erhebliche Bedrohung für die Umwelt und die globale Gesundheit dar. Besonders besorgniserregend ist die Ausbreitung multiresistenter Erreger, die teils auch ohne direkten antibiotischen Selektionsdruck persistieren [2]. Seit Einführung der Antibiotika wurde eine zunehmende Kontamination von Umweltbereichen wie Oberflächen- und Grundwasser, Böden, Abwässern und Klärschlamm beobachtet. Diese fördert die Selektion resistenter Bakterien, die auch vom Menschen über die Umwelt aufgenommen werden können [1]. Neuere Forschung weist zudem darauf hin, dass der Eintrag von Antibiotika und resistenten Mikroorganismen globale Mikrobiome verändert und dadurch langfristig klimarelevante Prozesse beeinflussen könnte [3]. Verstärkt wird diese Entwicklung durch die Anwesenheit von Bioziden und Metallverbindungen aufgrund von Co-Selektionsmechanismen [4]. Im Folgenden werden die Eintragspfade der Antibiotika sowie deren Auswirkungen auf die Umwelt näher betrachtet.

Nutzung künstlicher Intelligenz (KI): Für diesen Beitrag wurde KI als Unterstützung für die Literaturrecherche sowie zur Vereinheitlichung der Sprache verwendet.

Wege des Eintrags von Antibiotika in die Umwelt

Behandlung von Infektionskrankheiten. Geringe Mengen antibiotisch wirksamer Substanzen werden von den natürlich in der Umwelt vorkommenden Mikroorganismen synthetisiert, um einen evolutionären Vorteil zu generieren. Daneben finden sich die menschengeschaffenen Eintragspfade, wie die Behandlung von Infektionskrankheiten mit Antibiotika (**Abb. 1**). Zwischen 40 % und 90 % der verabreichten Wirkstoffmenge werden in unveränderter, pharmakologisch aktiver Form über Fäzes und Urin ausgeschieden und anschließend in die Umwelt eingetragen [5]. Eine der bedeutendsten Eintragsquellen stellen kommunale und klinische Abwässer dar, die häufig unveränderte Antibiotika sowie deren Abbauprodukte enthalten.

In einer umfassenden Untersuchung von Rodriguez-Mozaz et al. [6], in der über 50 verschiedene Antibiotika in den Ablaufströmen kommunaler Kläranlagen aus 7 europäischen Ländern analysiert wurden, zeigten sich die höchsten Konzentrationen in Portugal, Spanien und Irland, während in Skandinavien, Deutschland und Zypern vergleichsweise niedrigere Werte gemessen wurden. Dennoch konnten auch in Deutschland Rückstände verschiedener Antibiotika flussabwärts von Kläranlageneinleitungen nachgewiesen werden – trotz der erheblichen Verdünnungseffekte, die im Gewässerlauf auftreten. Flussaufwärts wurden hingegen kaum Rückstände gefunden. Es wurden insbesondere Rückstände von Makrolid-Antibiotika wie Clarithromycin (bis zu 0,60 µg/L) sowie von Sulfamethoxazol (bis zu 0,40 µg/L) und Trimethoprim (bis zu 0,39 µg/L) nachgewiesen [7].

Der in Kläranlagen anfallende Klärschlamm stellt ebenfalls eine relevante Eintragsquelle dar, da Antibiotika darin nachweislich akkumulieren. Besonders hohe Konzentrationen wurden für Fluorchinolone ermittelt, insbesondere für Levofloxacin (212 µg/kg bis 2,49 mg/kg

Abb. 1 ▲ Anthropogener Eintrag von Antibiotikarückständen und resistenten Erregern in die Umwelt. Stark vereinfachte Darstellung. (Created with BioRender.com. Schultze, N. (2026) https://BioRopenacender.com/zr6qd2m)

Trockenmasse [TM]) und Ciprofloxacin (576 µg/kg bis 6,75 mg/kg TM; [8]).

Aufgrund einer unvollständigen Abbauleistung in Kläranlagen können Antibiotika in die aquatische Umwelt freigesetzt werden, wobei die Entfernungseffizienz von dem jeweiligen Antibiotikum und der Substanzklasse abhängt [7]. Generell können Restkonzentrationen von Antibiotika bis zu etwa 120 µg/L in unbehandeltem Abwasser und bis zu etwa 8,0 µg/L in behandeltem Abwasser, das in Oberflächengewässer eingeleitet wird, erreichen [7]. Zusätzlich wurden in klinischen Abwässern höhere Restkonzentrationen bis in den 2-stelligen µg/L-Bereich nachgewiesen [7, 9]. Abwassersysteme stellen daher eine potenzielle Punktquelle für das Auftreten und die Verbreitung von Antibiotika in der aquatischen Umwelt dar. In verschiedenen Studien wurden Makrolid-Antibiotika neben Sulfamethoxazol und Trimethoprim am häufigsten nachgewiesen [10].

Trotz dieser potenziellen Expositionsquelle zeigen jüngere Studien, dass nur niedrige Werte von Antibiotika in deutschen Badegewässern nachgewiesen werden konnten, was sich vor allem mit dem massiven Verdünnungseffekt erklären lässt [2, 11]. Dies bedeutet jedoch keine Entwarnung, da bekannt ist, dass auch sehr niedrige und umweltbedingt verdünnte Restkonzentrationen Antibiotikaresistenzen begünstigen [12, 13].

Die *Predicted No Effect Concentration* (vorhergesagte Konzentration ohne Wirkung, PNEC) beschreibt die höchste Konzentration eines Stoffes in der Umwelt, bei der keine schädlichen Effekte auf Organismen zu erwarten sind. Er dient somit als ökotoxikologischer Referenzwert für die Bewertung von Umweltrisiken. Untersuchungen zeigen, dass diese PNEC-Werte für verschiedene Antibiotika auch in Deutschland wiederholt überschritten wurden, insbesondere in den Abläufen kommunaler Kläranlagen sowie in Oberflächengewässern [14]. Dies weist darauf hin, dass lokale Konzentrationen von Antibiotikarückständen potenziell ökologische Auswirkungen haben und zur Selektion resistenter Mikroorganismen beitragen können. Der biologische Effekt dieser subinhibitorischen Konzentration ist also keinesfalls zu vernachlässigen.

Industrielle Tierhaltung. Auch die industrielle Tierhaltung stellt eine bedeutende Quelle für den Eintrag von Antibiotikarückständen in die Umwelt dar. Durch den umfangreichen Einsatz antimikrobieller Wirkstoffe in der Nutztierproduktion lassen sich Antibiotika regelmäßig in Wirtschaftsdüngern wie Gülle und Stallmist nachweisen. Zu den am häufigsten detektierten Substanzen zählen Amoxicillin, Enrofloxacin, Sulfadiazin und Tetracyclin [15]. Vor der Ausbringung von Gülle und Stallmist auf landwirtschaftliche Flächen erfolgt in der Regel keine Abwasserbehandlung. Aufgrund der teils hohen Persistenz bestimmter Antibiotika besteht somit ein erhebliches Risiko für eine Kontamination von Bodenporenwasser und Oberflächengewässern. Besonders Sulfadiazin, Tetracyclin und Trimethoprim wurden in erhöhten Konzentrationen im Bodenporenwasser nachgewiesen, was darauf hindeutet, dass diese Substanzen nach der Ausbringung über längere Zeiträume in der Umwelt verbleiben können.

In einer Metaanalyse von Frey et al. [16] wurden 57 in den vergangenen 2 Jahrzehnten veröffentlichte, begutachtete Studien ausgewertet, um einen umfassenden Überblick über das Vorkommen von Antibiotikarückständen in Mist, Gülle, Böden, Pflanzen und Gewässern zu erhalten. Die Analyse ergab, dass Schweinemist und Gülle aus europäischen Ländern häufig Rückstände von Fluorchinolonen, Sulfonamiden und Tetracyclinen aufwiesen. Zudem wurde festgestellt, dass der Einsatz von Antibiotika in der Tierhaltung zur Kontamination angrenzender Umweltkompartimente führt und in zahlreichen Fällen die von der EU vorgeschlagenen Grenzwerte für die maximale Bodenbelastung mit veterinärmedizinischen Antibiotika überschritten werden.

In Bodenproben wurden die höchsten Konzentrationen an Tetracyclinen und Sulfonamiden im Vereinigten Königreich (41 ± 18 µg/kg bzw. 300 ± 10 µg/kg) sowie für Fluorchinolone in Österreich (370 µg/kg) nachgewiesen. In aquatischen Proben lagen die Antibiotikagehalte in den meisten Ländern unter 2 µg/L; die höchsten Werte wurden für

Fluorchinolone und Tetracycline in den USA (3 ± 0,7 µg/L bzw. 1,3 ± 0,6 µg/L) und für Sulfonamide in den USA und Deutschland (0,3 ± 0,8 µg/L bzw. 0,2 ± 2 µg/L) festgestellt. In Pflanzenproben wurde in China, Deutschland und Spanien eine Akkumulation von Tetracyclinen und Sulfonamiden über 50 µg/kg beobachtet. Diese Befunde verdeutlichen, dass Rückstände veterinärmedizinischer Antibiotika ein global verbreitetes Umweltproblem darstellen.

Die zunehmende Intensivierung der Aquakultur führt zu einer dichteren Tierhaltung und damit zu einem erhöhten Risiko für Krankheitsausbrüche. Zur Kontrolle und Behandlung infektiöser Erkrankungen kommen in der Aquakultur weltweit daher vermehrt antimikrobielle Wirkstoffe zum Einsatz [17], was wesentlich zur Umweltkontamination beiträgt, da Abwässer aus Aquakulturbetrieben direkt in die Umwelt eingeleitet werden. Im Jahr 2019 wurde der weltweite Verbrauch an Antibiotika in der Süßwasseraquakultur auf rund 12.252 t geschätzt, mit besonders hohen Einsatzmengen in der Asien-Pazifik-Region. Den größten Teil stellten Tetracycline dar, die etwa 70 % des gesamten Verbrauchs ausmachten. Zur Quantifizierung der durch die Aquakultur verursachten Süßwasserverschmutzung kann der sogenannte Graue Wasser-Fußabdruck herangezogen werden. Für die globale Aquakultur wird dieser auf 12.860 km^3 pro Jahr geschätzt. Zum Vergleich beträgt der jährliche Abfluss des Amazonas, des volumenstärksten Flusses der Erde, rund 6595 km^3. Diese Größenordnung verdeutlicht den erheblichen Beitrag der Aquakultur zum weltweiten Eintrag antimikrobieller Substanzen in aquatische Systeme [17].

Pharmazeutische Industrie. Auch die pharmazeutische Industrie trägt wesentlich zur Umweltbelastung durch Antibiotika bei. Produktionsstätten, insbesondere in Ländern mit unzureichenden Umweltauflagen, können erhebliche Mengen an Wirkstoffen in die Umwelt freisetzen. Eine Studie aus Indien dokumentierte extrem hohe Antibiotikakonzentrationen in Fließgewässern in der Nähe pharmazeutischer Produktionsanlagen [18].

Zusammenfassung · Abstract

Bundesgesundheitsbl 2026 · 69:521–527 https://doi.org/10.1007/s00103-026-04223-9
© The Author(s) 2026

M. M. Prüß · S. Guenther

Entstehung und Verbreitung von Antibiotikaresistenzen in der Umwelt durch verstärkten anthropogenen Eintrag von Antibiotikarückständen und resistenten Erregern

Zusammenfassung

Die Anwendung von Antibiotika zur antimikrobiellen Therapie revolutionierte die medizinische Praxis. Jedoch hat die häufige und z. T. unsachgemäße Nutzung sowohl in der Human- als auch der Veterinärmedizin erhebliche Konsequenzen. Dieser Artikel gibt einen Überblick über Eintragspfade von Antibiotika in die Umwelt und die Auswirkungen.

Über Abwässer, Klärschlämme und Wirtschaftsdünger gelangen Antibiotika und ihre Abbauprodukte in verschiedene Umweltkompartimente wie Böden und Wasser, wo sie durch subinhibitorische Konzentrationen von Antibiotika die Entstehung und die Verbreitung antimikrobieller Resistenzen (AMR) fördern. Weltweit wurden in kommunalen Kläranlagen, Oberflächengewässern und landwirtschaftlichen Nutzflächen wiederholt Überschreitungen der ökotoxikologischen Schwellenwerte (*Predicted No Effect Concentration, PNEC*) festgestellt.

Subinhibitorische Umweltkonzentrationen verändern als Stressfaktor die Funktion mikrobieller Gemeinschaftsstrukturen und beeinträchtigen dadurch biogeochemische Kreisläufe. Es wurden bereits bidirektionale Wechselwirkungen zwischen Klimawandel und AMR postuliert, da zum einen durch veränderte mikrobielle Stoffwechselprozesse klimarelevante Rückkopplungen ausgelöst werden können und zum anderen Extremwetterereignisse wie Überschwemmungen die Verbreitung der AMR ungünstig beeinflussen. Die Resistenzproblematik erfordert daher einen integrativen, global koordinierten Ansatz im Sinne von One Health und Planetary Health.

Schlüsselwörter

Antibiotikaresistenz · Antibiotikarückstände · Klimawandel · One Health · Umwelt

Development and spread of antibiotic resistance in the environment due to increased anthropogenic input of antibiotic residues and resistant pathogens

Abstract

The use of antibiotics for antimicrobial therapy revolutionized medical practice. However, the frequent and sometimes inappropriate use of these drugs in both human and veterinary medicine has had significant consequences. This article provides an overview of the pathways by which antibiotics enter the environment and their impacts.

Through wastewater, sewage sludge, and agricultural fertilizers, antibiotics and their degradation products enter various environmental compartments such as soil and water, where they promote the emergence and spread of antimicrobial resistance (AMR) via subinhibitory concentrations of antibiotics. Worldwide, exceedances of ecotoxicological threshold values (predicted no effect concentrations; PNECs) have repeatedly been detected in municipal wastewater treatment plants, surface waters, and agricultural soils.

In addition, subinhibitory environmental concentrations act as stress factors that alter the structure and function of microbial communities, thereby disrupting biogeochemical cycles. Bidirectional interactions between climate change and AMR have already been postulated, since altered microbial metabolic processes may trigger climate-relevant feedback mechanisms, while extreme weather events such as floods can further facilitate the dissemination of AMR. The resistance problem therefore requires an integrated, globally coordinated approach in the sense of One Health and Planetary Health.

Keywords

Antibiotic resistance · Antibiotic residues · Climate change · One Health · Environment

Eine aktuelle Untersuchung der AOK Baden-Württemberg in Kooperation mit dem Umweltbundesamt (UBA) und dem Institut für Wasserforschung (IWW) bestätigte vergleichbare Befunde aber auch für Europa. In der Nähe von Produktionsstätten für Antibiotika wurden signifikant höhere Wirkstoffkonzentrationen in Gewässern gemessen als in weniger belasteten Regionen [19]. An rund 40 % der untersuchten Standorte überschritten die Konzentrationen im Abwasser oder in der angrenzenden Umwelt die vertraglich festgelegten Grenzwerte (PNEC) teils um ein Vielfaches. So lag die Ciprofloxacin-Konzentration im Abwasser um bis zu 11.000 % und die Azithromycin-Konzentration im Wasser um 1.600.000 % über den jeweiligen Referenzwerten (PNECs). Die Belastung war nicht auf Produktionsstandorte beschränkt, sondern erstreckte sich auch auf angrenzende Ökosysteme, was auf eine potenzielle Förderung von Antibiotikaresistenzen hinweist. Die Ergebnisse der Pilotstudie verdeutlichen einen dringenden Handlungsbedarf zur Minderung industrieller Emissionen und zur Stärkung ökologischer Nachhaltigkeitskriterien in der Antibiotikaproduktion, einschließlich regulatorischer Maßnahmen auf europäischer Ebene.

Einfluss von Antibiotikarückständen auf die Resistenzentwicklung

Hohe Konzentrationen antimikrobieller Substanzen fördern bekanntermaßen die Selektion resistenter Bakterienpopulationen. Neuere Untersuchungen zeigen jedoch, dass auch subinhibitorische, umweltbedingt verdünnte Konzentrationen die Resistenzentwicklung begünstigen können [12, 13]. Kläranlagen gelten dabei als zentrale Hotspots [20], da sie durch den Eintrag von Antibiotika über Abwässer zur Anreicherung resistenter Bakterien beitragen. Insbesondere der Eintrag über kommunale und tierhaltungsbedingte Abwässer stellt ein wesentliches Risiko für die Resistenzbildung in agrarischen Ökosystemen dar. Langzeituntersuchungen belegen, dass Böden, die wiederholt mit antibiotikahaltiger Gülle behandelt wurden, signifikant höhere Konzentrationen an Resistenzgenen aufweisen als unbehandelte Vergleichsflächen [21, 22].

Resistenzen entstehen durch Mutationen oder horizontalen Gentransfer und auch bei geringen Rückstandskonzentrationen kann der bestehende Selektionsdruck das Überleben resistenter Stämme gegenüber sensiblen Populationen fördern und somit deren Anteil in der Umwelt erhöhen. Zusätzlich induzieren subinhibitorische Antibiotikakonzentrationen Veränderungen der bakteriellen Genexpression, insbesondere im Rahmen von Stressantworten [20]. Die Anwesenheit von Bioziden sowie Metallverbindungen verstärkt die Stressantwort und führt durch die Co-Lokalisation der entsprechenden Resistenzgene auf den Plasmiden zu einer Co-Selektion [4, 23]. Die Folge ist eine Begünstigung der Resistenzentwicklung auch gegen Antibiotika.

Die Verbreitung resistenter Bakterien erfolgt über Wasserläufe, Böden und die Nahrungskette. Menschen und Tiere tragen zur Dissemination bei, indem sie resistente Mikroorganismen ausscheiden (**Abb. 1**). Auch die Nutzung unzureichend behandelter Abwässer zur landwirtschaftlichen Bewässerung stellt einen relevanten Eintragspfad dar. Eine systematische Auswertung von Treskova et al. [24] zu Antibiotikaresistenzen in Umweltkompartimenten Deutschlands, Österreichs und der Schweiz, basierend auf 400 Datensätzen, verdeutlicht das Ausmaß: Resistenzen gegen sämtliche WHO-kritischen Wirkstoffklassen wurden in Oberflächen- und Badegewässern, in Abwässern sowie in Proben aus Tierhaltung und Sedimenten nachgewiesen. Besonders häufig wurden Resistenzgene gegen Fluorchinolone, Cephalosporine, Glykopeptide und Colistin identifiziert. Der Verzehr von rohen Pflanzen, welche mit unzureichend aufgearbeitetem Wasser bewässert werden, sorgt überdies für eine verstärkte Exposition der Verbraucher gegenüber übertragbaren Resistenzgenen [25].

Ein bisher wenig beachteter Aspekt betrifft das sogenannte Thanatoresistom, also das Resistom nach dem Tod. Untersuchungen weisen darauf hin, dass resistente Mikroorganismen auch postmortal persistieren und sich mangels immunologischer Kontrolle weiter ausbreiten können. Während des Zersetzungsprozesses können sie über Organismen wie Insektenlarven, Würmer oder Pilze, die an der Verwesung beteiligt sind, in die Nahrungskette gelangen. Zudem wird Sickerwasser von Friedhöfen in der Regel nicht behandelt, sodass Resistenzgene und verbliebene Antibiotikarückstände ungehindert in den Wasserkreislauf gelangen können [26].

Besonders relevant sind zudem multiresistente Erreger, die sowohl im klinischen als auch im Umweltkontext eine zunehmende Bedrohung darstellen. High-risk-clonal Lineages (z. B. E. coli ST131, ST648, ST410) sind gegen mehrere Wirkstoffklassen resistent und wurden weltweit in Wildtieren nachgewiesen [27–29]. Dies verdeutlicht, dass klinisch relevante Stämme auch außerhalb des hohen Selektionsdrucks in Klinik- oder Tierhaltungssystemen überleben und in Umweltkompartimenten persistieren können. Neben dieser Sentinel- bzw. Bioindikatorfunktion wird die Rolle von Wildtieren zunehmend als bedeutender Vektor in der Resistenzverbreitung diskutiert. Synanthrope und migratorische Vogelarten spielen hierbei eine Schlüsselrolle, da sie resistente Bakterien über weite Distanzen, teils kontinentübergreifend, verbreiten [30, 31]. Die globale Dissemination dieser Erreger unterstreicht die Notwendigkeit international koordinierter Überwachungs- und Kontrollstrategien [32].

Erweiterte Umweltfolgen durch den Eintrag von Antibiotika

Die Folgen des Eintrags von Antibiotika in die Umwelt sind komplex und gehen weit über die Resistenzproblematik bei Pathogenen hinaus [33]. Antibiotika sind explizit so konzipiert, dass sie einen Effekt auf Mikroorganismen haben, und obwohl bakterizide Konzentrationen selten außerhalb therapeutischer Anwendungen auftreten, können auch subinhibitorische Konzentrationen von Antibiotika schädliche Effekte auf natürliche mikrobielle Gemeinschaften haben, da sie eine Hemmung vieler Gruppen von Mikroorganismen hervorrufen können, die

an Schlüsselökosystemfunktionen beteiligt sind.

Mikrobielle Biodiversität hat eine funktionelle Bedeutung bei der Aufrechterhaltung biologischer Prozesse in Wasser und Boden; tatsächlich werden die meisten biogeochemischen Kreisläufe ausschließlich durch Mikroorganismen ermöglicht [33]. Antibiotika können als ökologischer Faktor in der Umwelt wirken und Änderungen in der Struktur natürlicher bakterieller Gemeinschaften bewirken. Die Auswirkungen können sogar bei Nichtzielorganismen wie Pilzen oder Pflanzen mit wichtigen ökologischen Funktionen gefunden werden [33]. Die Präsenz von Antibiotika verursacht eine Reduktion der mikrobiellen Biodiversität. Darüber hinaus können sie das Wachstum und die Enzymaktivitäten von bakteriellen Gemeinschaften beeinflussen und letztendlich ökologische Funktionen wie Biomasseproduktion und Nährstofftransformation beeinträchtigen, was zu einem Verlust funktionaler Stabilität führt. Der selektive Effekt von Antibiotika auf verschiedene mikrobielle Gruppen ändert die relative Häufigkeit mikrobieller Arten und stört Interaktionen zwischen verschiedenen Arten. Diese Effekte hängen von den beteiligten mikrobiellen Gruppen, Umweltmerkmalen und von Antibiotikakonzentrationen ab. Zu den Auswirkungen von Antibiotika auf ökologische Funktionen gehören Änderungen in der Stickstofftransformation, Methanbildung, Schwefelreduktion und Nährstoffkreisläufen [33].

Direkte nachteilige Effekte auf andere Gruppen von Nichtzielorganismen sind beispielsweise eine starke Vermehrung von Cyanobakterien bei Umweltkonzentrationen von etwa 300 ng/L der Wirkstoffe Sulfamethoxazol, Tetrazyklin und Ciprofloxacin [34]. Bei höheren Konzentrationen hingegen wurden wachstumshemmende Effekte auf Cyanobakterien sowie auf eukaryotische Algen beobachtet [35]. Auch für höhere Pflanzen wurde eine durch das Vorhandensein von Antibiotika hervorgerufene Reduktion der Keimungsrate nachgewiesen [36]. Die subtile, aber tiefgreifende Ausweitung des Antibiotikaeinflusses verdeutlicht, dass die Problematik längst über den Rahmen des One-Health-Ansatzes hinausreicht und bereits die übergeordneten Zusammenhänge der *Planetary Health* betrifft.

Einfluss durch und auf den Klimawandel

Der Zusammenhang zwischen Klimawandel und Antibiotikaresistenz stellt ein vergleichsweise neues, jedoch zunehmend relevantes Forschungsfeld dar. Zahlreiche Befunde deuten darauf hin, dass klimatische Veränderungen die Verbreitung multiresistenter Mikroorganismen begünstigen. So konnte gezeigt werden, dass salz- und thermostabile Bakterien häufig zugleich Resistenzen gegenüber antimikrobiellen Substanzen aufweisen [37]. Steigende Temperaturen und veränderte Salzgehalte in den Ozeanen fördern die Ausbreitung solcher Mikroorganismen. Darüber hinaus begünstigen Extremwetterereignisse, wie Überschwemmungen, die Verschleppung multiresistenter Erreger in neue ökologische Nischen, darunter Flüsse, Seen und landwirtschaftlich genutzte Flächen [37].

Die Wechselwirkungen zwischen Klimawandel und antimikrobieller Resistenz (AMR) sind potenziell aber bidirektional. In einem jüngst veröffentlichten Review, der die Schnittstelle beider Phänomene untersucht, wurde die Hypothese aufgestellt, dass steigende Temperaturen und die Ausbreitung resistenter Mikroorganismen synergistisch auf Bodenmikroben wirken und deren Kohlenstoffnutzungseffizienz (CUE) verringern [3]. Dadurch wird weniger Kohlenstoff in mikrobielle Biomasse eingebaut und vermehrt als CO_2 freigesetzt, was die Kohlenstoffspeicherung in Böden mindert und klimawirksame Rückkopplungseffekte verstärkt. Erwärmungsbedingte Steigerungen mikrobieller Stoffwechselaktivität und AMR-bedingte energetische Belastungen durch Resistenzmechanismen könnten somit gemeinsam zur Destabilisierung des globalen Boden-Kohlenstoffkreislaufs beitragen. Besonders gefährdet sind arktische Permafrostböden, tropische Ökosysteme und agrarisch genutzte Flächen, in denen Antibiotikaeinträge und Temperaturanstiege zusammenwirken. Die Autoren beschreiben einen potenziellen Rückkopplungseffekt, bei dem AMR und Klimawandel sich gegenseitig verstärken und sowohl ökologische als auch gesundheitliche Risiken erhöhen [3].

Fazit

Die zunehmende Verbreitung von Antibiotikarückständen und antimikrobiellen Resistenzen in der Umwelt zeigt, dass es sich nicht mehr um ein ausschließlich medizinisches, sondern um ein globales Umwelt- und Gesundheitsproblem handelt. Der fortgesetzte Eintrag von Antibiotika und resistenten Mikroorganismen verändert mikrobielle Gemeinschaften und beeinträchtigt zentrale ökologische Prozesse. Dadurch entstehen Risiken für die menschliche Gesundheit, etwa durch Kontamination von Wasser, Nahrungsmitteln und Böden. Damit breitet sich die Resistenzproblematik zunehmend aus der Human- und Veterinärmedizin in die Umwelt aus. Viele Nosokomialkeime mit ausgeprägten Resistenzmechanismen und der Fähigkeit, Biofilme auszubilden, sind obendrein auch eng mit Pflanzen assoziiert. Darunter fallen beispielsweise Infektionen mit Enterobacter und Klebsiella. Zugleich bestehen potenzielle Wechselwirkungen zwischen Klimawandel und Resistenzentwicklung. Erwärmung, veränderte Niederschlagsmuster und Extremereignisse fördern die Verbreitung resistenter Mikroorganismen und verändern mikrobiologische Ökosysteme. Umgekehrt könnten Antibiotikarückstände und AMR klimarelevante Prozesse, insbesondere den Kohlenstoffkreislauf, beeinflussen. Es entsteht ein potenziell bidirektionaler Wirkungszusammenhang, in dem Umweltveränderungen und Resistenzbildung sich gegenseitig verstärken.

Die Bewältigung dieser Herausforderung erfordert integrierte, interdisziplinäre Strategien im Sinne von One Health und Planetary Health. Neben einer Reduktion des Antibiotikaverbrauchs sind verbesserte Abwasserbehandlung, strengere Emissionsgrenzwerte in der Arzneimittelproduktion sowie nachhaltige landwirtschaftliche Praktiken entschei-

dend. Die Resistenzkrise verdeutlicht die Grenzen menschlicher Eingriffe in mikrobiologische Systeme. Gesundheit von Mensch, Tier und Umwelt muss als untrennbar verbundenes Ganzes verstanden werden. Nur durch einen integrierten, global koordinierten Ansatz lässt sich die Ausbreitung antimikrobieller Resistenzen eindämmen und die ökologische Grundlage künftiger Generationen bewahren.

Korrespondenzadresse

Prof. Dr. Sebastian Guenther
Pharmazeutische Biologie, Universität Greifswald
Friedrich-Ludwig-Jahn-Straße 17, 17489 Greifswald, Deutschland
sebastian.guenther@uni-greifswald.de

Funding. Open Access funding enabled and organized by Projekt DEAL.

Einhaltung ethischer Richtlinien

Interessenkonflikt. M.M. Prüß und S. Guenther geben an, dass kein Interessenkonflikt besteht.

Für diesen Beitrag wurden von den Autor/-innen keine Studien an Menschen oder Tieren durchgeführt. Für die aufgeführten Studien gelten die jeweils dort angegebenen ethischen Richtlinien.

Open Access. Dieser Artikel wird unter der Creative Commons Namensnennung 4.0 International Lizenz veröffentlicht, welche die Nutzung, Vervielfältigung, Bearbeitung, Verbreitung und Wiedergabe in jeglichem Medium und Format erlaubt, sofern Sie den/die ursprünglichen Autor(en) und die Quelle ordnungsgemäß nennen, einen Link zur Creative Commons Lizenz beifügen und angeben, ob Änderungen vorgenommen wurden. Die in diesem Artikel enthaltenen Bilder und sonstiges Drittmaterial unterliegen ebenfalls der genannten Creative Commons Lizenz, sofern sich aus der Abbildungslegende nichts anderes ergibt. Sofern das betreffende Material nicht unter der genannten Creative Commons Lizenz steht und die betreffende Handlung nicht nach gesetzlichen Vorschriften erlaubt ist, ist für die oben aufgeführten Weiterverwendungen des Materials die Einwilligung des jeweiligen Rechteinhabers einzuholen. Weitere Details zur Lizenz entnehmen Sie bitte der Lizenzinformation auf http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.de.

Literatur

1. Polianciuc SI, Gurzău AE, Kiss B, Ştefan MG, Loghin F (2020) Antibiotics in the environment: causes and consequences. Medical and Pharmaceutical Reports 93:231–240. https://doi.org/10.15386/mpr-1742
2. Lübcke P, Heiden SE, Homeier-Bachmann T, Bohnert JA, Schulze C, Eger E (2024) Multidrug-resistant high-risk clonal Escherichia coli lineages occur along an antibiotic residue gradient in the Baltic Sea. npj Clean Water 7:94. https://doi.org/10.1038/s41545-024-00394-7
3. Roy S, Dumont MG, Bradley JA, Hernández M (2025) Microbial interactions between climate warming and antimicrobial resistance threaten soil carbon storage and global health. ISME Journal. https://doi.org/10.1093/ismejo/wraf22010.1093/ismejo/wraf220
4. Wolters B, Hauschild K, Blau K, Mulder I, Heyde BJ, Sørensen SJ (2022) Biosolids for safe land application: does wastewater treatment plant size matters when considering antibiotics, pollutants, microbiome, mobile genetic elements and associated resistance genes? Environmental Microbiology 24:1573–1589. https://doi.org/10.1111/1462-2920.15938
5. Kümmerer K, Henninger A (2003) Promoting resistance by the emission of antibiotics from hospitals and households into effluent. Clinical Microbiology and Infection 9:1203–1214. https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2003.00739.x
6. Rodriguez-Mozaz S, Vaz-Moreira I, Varela Della Giustina S, Llorca M, Barceló D, Schubert S (2020) Antibiotic residues in final effluents of European wastewater treatment plants and their impact on the aquatic environment. Environment International 140:105733. https://doi.org/10.1016/j.envint.2020.105733
7. Voigt AM, Ciorba P, Döhla M, Exner M, Felder C, Lenz-Plet F (2020) The investigation of antibiotic residues, antibiotic resistance genes and antibiotic-resistant organisms in a drinking water reservoir system in Germany. International Journal of Hygiene and Environmental Health 224:113449. https://doi.org/10.1016/j.ijheh.2020.113449
8. Wolters B, Hauschild K, Smalla K (2022) Erarbeitung anspruchsvoller Standards für die mittelfristige Fortführung der bodenbezogenen Verwertung von Klärschlämmen aus Abwasserbehandlungsanlagen mit kleiner Ausbaugröße. In:Umweltbundesamthttps://www.umweltbundesamt.de/publikationen/erarbeitung-anspruchsvoller-standards-fuer-die. Zugegriffen: 25.01.2026
9. Fatta-Kassinos D, Meric S, Nikolaou A (2011) Pharmaceutical residues in environmental waters and wastewater: current state of knowledge and future research. Analytical and Bioanalytical Chemistry 399:251–275. https://doi.org/10.1007/s00216-010-4300-9
10. Voigt A, Skutlarek D, Timm C, Schreiber C, Felder C, Exner M (2019) Liquid chromatography-tandem mass spectrometry as a fast and simple method for the determination of several antibiotics in different aqueous matrices. Environmental Chemistry 17:54–74. https://doi.org/10.1071/EN19115
11. Döhla M, Sib E, Dericks B, Grobe S, Behringer K, Frechen M (2020) Assessment of the Prevalence of Antibiotic-Resistant Bacteria and the Concentration of Antibiotics in EU Bathing Waters in Western Germany. Exposure and Health 12:323–334. https://doi.org/10.1007/s12403-019-00313-z
12. Bengtsson-Palme J, Larsson DGJ (2016) Concentrations of antibiotics predicted to select for resistant bacteria: Proposed limits for environmental regulation. Environment International 86:140–149. https://doi.org/10.1016/j.envint.2015.10.015
13. Kneis D, de la Cruz Barron M, Konyali D, Westphal V, Schröder P, Westphal-Settele K (2025) Ecology-based approach to predict no-effect antibiotic concentrations for minimizing environmental selection of resistance. ISME Journal. https://doi.org/10.1093/ismejo/wraf172
14. Umweltbundesamt (2018) Arzneimittelwirkstoffe. https://www.umweltbundesamt.de/themen/wasser/fluesse/zustand/arzneimittelwirkstoffe. Accessed 14.10.2025
15. Menz J, Olsson O, Kümmerer K (2019) Antibiotic residues in livestock manure: Does the EU risk assessment sufficiently protect against microbial toxicity and selection of resistant bacteria in the environment? Journal of Hazardous Materials 379:120807. https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2019.120807
16. Frey L, Tanunchai B, Glaser B (2022) Antibiotics residues in pig slurry and manure and its environmental contamination potential. A meta-analysis. Agronomy for Sustainable Development 42:31. https://doi.org/10.1007/s13593-022-00762-y
17. Dolmans E (2022) The grey water footprint of antimicrobials used for aquaculture production. https://essay.utwente.nl/. Accessed 14.10.2025
18. Taneja N, Sharma M (2019) Antimicrobial resistance in the environment: The Indian scenario. Indian Journal of Medical Research 149:119–128. https://doi.org/10.4103/ijmr.IJMR_331_18
19. Baden-Württemberg AOK (2023) Nicht nachhaltige Arzneimittelproduktion führt zu Antibiotikaresistenzen. https://www.aok.de/pp/fileadmin/bereiche/baden-wuerttemberg/aokbw-presse/mediathek/dokumente/2025-11-26_policy-paper_arzneimittel_2025.pdf
20. Mahfouz N, Caucci S, Achatz E, Semmler T, Guenther S, Berendonk TU (2018) High genomic diversity of multi-drug resistant wastewater Escherichia coli. Scientific Reports 8:8928. https://doi.org/10.1038/s41598-018-27292-6
21. Martínez JL (2008) Antibiotics and Antibiotic Resistance Genes in Natural Environments. Science 321:365–367. https://doi.org/10.1126/science.1159483
22. Wang Z, Zhang N, Li C, Shao L (2023) Diversity of antibiotic resistance genes in soils with four different fertilization treatments. Frontiers in Microbiology. https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1291599
23. Hauschild K, Suzuki M, Wolters B, Tokuda M, Yamazaki R, Masumoto M (2025) The transferable resistome of biosolids—plasmid sequencing reveals carriage of clinically relevant antibiotic resistance genes. mBio. https://doi.org/10.1128/mbio.02068-25
24. Treskova M, Kuhlmann A, Freise F, Kreienbrock L, Brogden S (2022) Occurrence of Antimicrobial Resistance in the Environment in Germany, Austria, and Switzerland: A Narrative Review of Existing Evidence. Microorganisms 10:728. https://doi.org/10.3390/microorganisms10040728
25. Smalla K, Kabisch J, Fiedler G, Hammerl JA, Tenhagen BA (2023) Gesundheitsrisiken durch die Bewässerung von Nutzpflanzen mit aufbereitetem Abwasser, das Antibiotikarückstände, Resistenzgene und resistente Mikroorganismen enthält. Bundesgesundheitsblatt - Gesundheitsforschung - Gesundheitsschutz 66:660–668. https://doi.org/10.1007/s00103-023-03710-7
26. Dash HR, Das S (2020) Thanatomicrobiome and epinecrotic community signatures for estimation of post-mortem time interval in human cadaver. Applied Microbiology and Biotechnology 104:9497–9512. https://doi.org/10.1007/s00253-020-10922-3
27. Guenther S, Ewers C, Wieler LH (2011) Extended-Spectrum Beta-Lactamases Producing E. coli in Wildlife, yet Another Form of Environmental

Pollution? Frontiers in Microbiology. https://doi.org/10.3389/fmicb.2011.00246
28. Schaufler K, Semmler T, Wieler LH, Trott DJ, Pitout J, Peirano G (2019) Genomic and Functional Analysis of Emerging Virulent and Multidrug-Resistant Escherichia coli Lineage Sequence Type 648. Antimicrobial Agents and Chemotherapy. https://doi.org/10.1128/aac.00243-19
29. Schaufler K, Semmler T, Wieler LH, Wöhrmann M, Baddam R, Ahmed N (2016) Clonal spread and interspecies transmission of clinically relevant ESBL-producing Escherichia coli of ST410—another successful pandemic clone? FEMS Microbiology Ecology. https://doi.org/10.1093/femsec/fiv155
30. Guenther S, Aschenbrenner K, Stamm I, Bethe A, Semmler T, Stubbe A (2012) Comparable High Rates of Extended-Spectrum-Beta-Lactamase-Producing Escherichia coli in Birds of Prey from Germany and Mongolia. PLOS ONE 7:e53039. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0053039
31. Ahlstrom CA, Woksepp H, Sandegren L, Ramey AM, Bonnedahl J (2023) Exchange of Carbapenem-Resistant Escherichia coli Sequence Type 38 Intercontinentally and among Wild Bird, Human, and Environmental Niches. Applied and Environmental Microbiology. https://doi.org/10.1128/aem.00319-23
32. Anjum MF, Schmitt H, Börjesson S, Berendonk TU, Donner E, Stehling EG (2021) The potential of using E. coli as an indicator for the surveillance of antimicrobial resistance (AMR) in the environment. Current Opinion in Microbiology 64:152–158. https://doi.org/10.1016/j.mib.2021.09.011
33. Grenni P, Ancona V, Barra Caracciolo A (2018) Ecological effects of antibiotics on natural ecosystems: A review. Microchemical Journal 136:25–39. https://doi.org/10.1016/j.microc.2017.02.006
34. Xu S, Jiang Y, Liu Y, Zhang J (2021) Antibiotic-accelerated cyanobacterial growth and aquatic community succession towards the formation of cyanobacterial bloom in eutrophic lake water. Environmental Pollution 290:118057. https://doi.org/10.1016/j.envpol.2021.118057
35. Taşkan E (2016) Effect of Tetracycline Antibiotics on Performance and Microbial Community of Algal Photo-Bioreactor. Applied Biochemistry and Biotechnology 179:947–958. https://doi.org/10.1007/s12010-016-2042-7
36. Minden V, Deloy A, Volkert AM, Leonhardt SD, Pufal G (2017) Antibiotics impact plant traits, even at small concentrations. AoB PLANTS 910.1093/aobpla/plx010
37. van Bavel B, Berrang-Ford L, Moon K, Gudda F, Thornton AJ, Robinson RFS (2024) Intersections between climate change and antimicrobial resistance: a systematic scoping review. The Lancet Planetary Health 8:e1118-e1128. https://doi.org/10.1016/S2542–5196(24)00273-0
38. Schultze, N. (2026) https://BioRender.com/zr6qd2m).

Hinweis des Verlags. Der Verlag bleibt in Hinblick auf geografische Zuordnungen und Gebietsbezeichnungen in veröffentlichten Karten und Institutsadressen neutral.