



I·H·M

**Nationales Referenzzentrum
für Meningokokken und *Haemophilus influenzae*
(NRZMHi)**



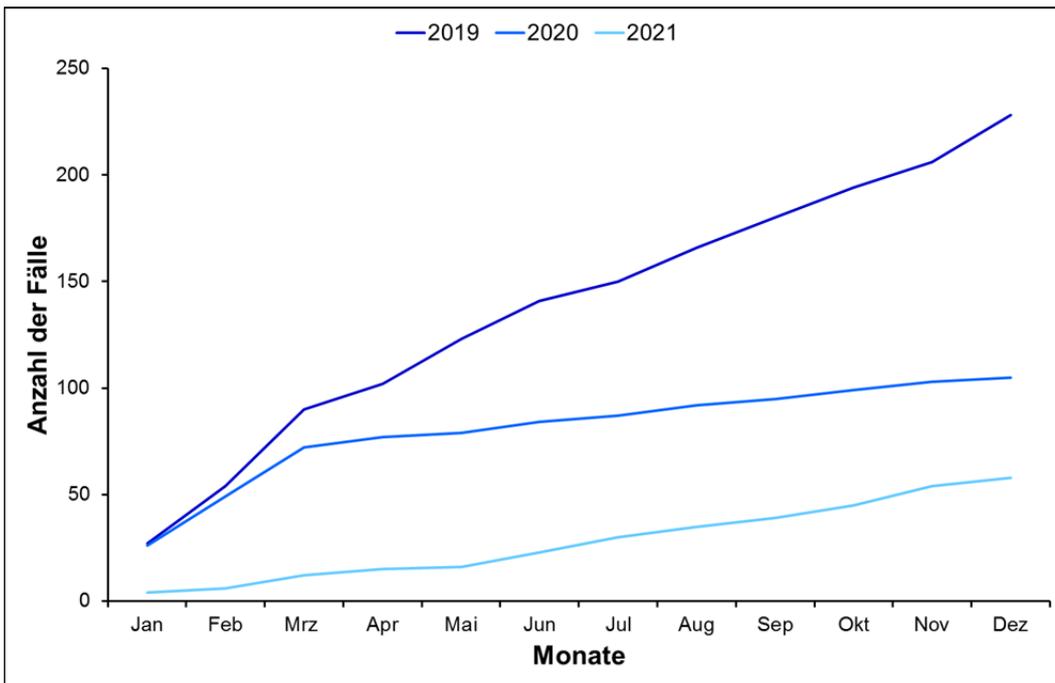
Daten zur Laborüberwachung von Meningokokken (2021)

Einleitung

Das Nationale Referenzzentrum für Meningokokken und *Haemophilus influenzae* (NRZMHi) ist vom Robert Koch-Institut (RKI) mit der Laborüberwachung von invasiven Meningokokkenerkrankungen beauftragt. Insgesamt wurden im Jahr 2021 119 Proben von 109 Patienten untersucht. Das NRZMHi konnte *Neisseria meningitidis* bei 85 Patienten nachweisen. Bei 58 Patienten erfolgte der Meningokokkennachweis aus primär sterilen Materialien (diese Zahl entspricht der Anzahl der invasiven Erkrankungen), wobei in 11 Fällen (Nativmaterial und nicht mehr kultivierbare Meningokokken) Meningokokken ausschließlich mit kulturunabhängigen Methoden nachgewiesen wurden (19,0% von 58). Im Vergleich dazu wurden im Jahr 2021 71 Fälle invasiver Meningokokkenerkrankungen an das RKI gemeldet (Stand 05.03.2022, SurvStat@RKI). Da das NRZMHi alle Befunde den jeweils zuständigen Gesundheitsämtern übermittelt, kann davon ausgegangen werden, dass ca. 81% der an das RKI gemeldeten Fälle im NRZMHi untersucht wurden (2020: 77%).

Die Inzidenz der invasiven Meningokokkenerkrankungen in Deutschland war 2021 (0,09/100.000 Einwohner) deutlich niedriger als im Vorjahr (0,17/100.000) (Stand 05.03.2022, SurvStat@RKI). Die anhaltenden Präventionsmaßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie wie beispielsweise das Tragen von Mund-Nasen-Bedeckungen, Kontaktbeschränkungen sowie Abstands- und Hygiene-Regeln haben weiterhin Deutschland- und auch weltweit zu einem deutlich reduzierten Auftreten von Infektionskrankheiten u. a. durch Meningokokken und *Haemophilus influenzae* geführt (EpiBull 2021;7:3-7; Brueggemann et al., Lancet Digit Health 2021 Jun;3(6):e360-e370).

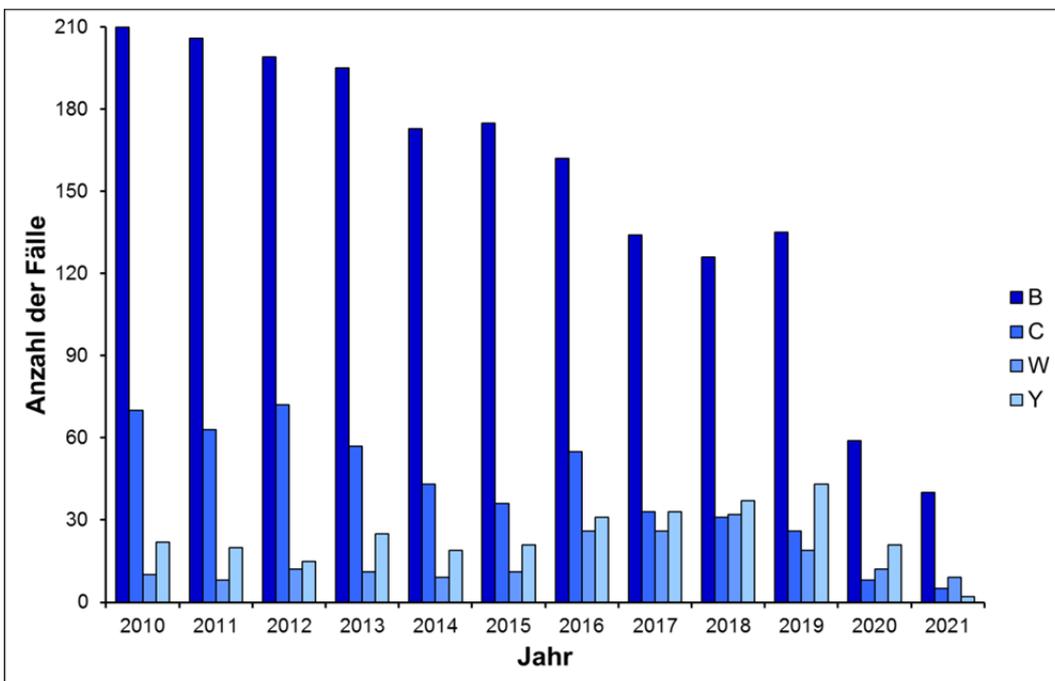
Entwicklung der Meningokokkenfälle im Laufe der COVID-19-Pandemie 2020/2021



Kumulative Darstellung der Anzahl der in den Pandemie-Jahren 2020 und 2021 am NRZMHI untersuchten invasiven Meningokokkenfälle im Vergleich zu 2019

Mit Beginn des ersten bundesweiten Lockdowns im März 2020 kam es zu einem deutlichen Rückgang der am NRZMHI untersuchten invasiven Meningokokkenfälle, der parallel zu dem der Erkrankungsmeldungen am RKI verlief und bis 2021 anhielt.

Verteilung der Serogruppen B, C, W und Y (2010-2021)



Infolge der anhaltenden Infektionsschutzmaßnahmen aufgrund der COVID-19-Pandemie traten 2021 bei allen Serogruppen erneut weniger Fälle als im Vorjahr auf.

Serogruppen aufgeschlüsselt nach Bundesländern (2021)

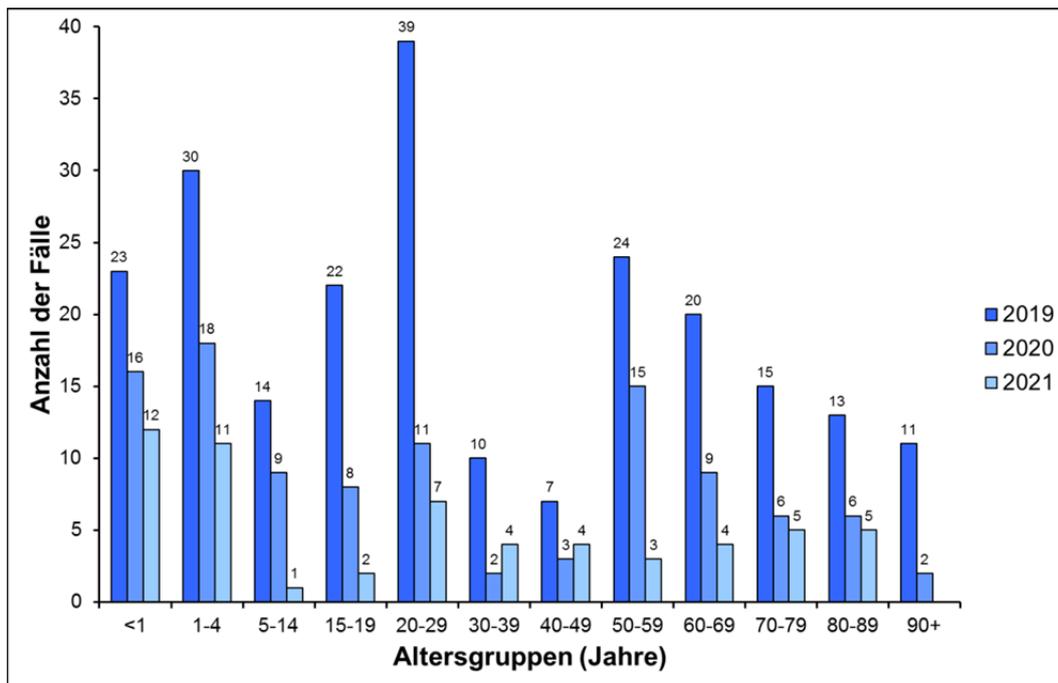
Serogruppe	BW	BY	BE	BB	HB	HH	HE	NI	NW	RP	ST	SH	TH	Unbek.
B	9	1	2	3	1	2	2	3	8	4	2	1	2	
C		1	1				1		2					
W	3						1	1	2			1		1
Y		1	1											
NG									1				1	
untersuchte Fälle im NRZMHi	12	3	4	3	1	2	4	4	13	4	2	2	3	1
Inzidenz/100.000	0,11	0,05	0,11	0,12	0,29	0,11	0,08	0,09	0,09	0,12	0,18	0,03	0,09	

BW: Baden-Württemberg, BY: Bayern, BE: Berlin, BB: Brandenburg, HB Bremen, HH: Hamburg, HE: Hessen, NI: Niedersachsen, NW: Nordrhein-Westfalen, RP: Rheinland-Pfalz, ST: Sachsen-Anhalt, SH: Schleswig-Holstein, TH: Thüringen, unbek: unbekannt

Es gab keine Fälle in Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen und im Saarland.

Bei Materialien von 2 invasiven Fällen konnte die Serogruppe nicht bestimmt werden (NG).

Meningokokkenfälle aufgeschlüsselt nach Altersgruppen (2019 - 2021)



Ein Rückgang der Meningokokkenfälle am NRZMHi zeigte sich 2021 in fast allen Altersgruppen, besonders stark bei Kindern und Jugendlichen zwischen 5 und 19 Jahren.

Antibiotikaresistenzen von invasiven Meningokokkenisolaten

(nach Kriterien von EUCAST 2021)

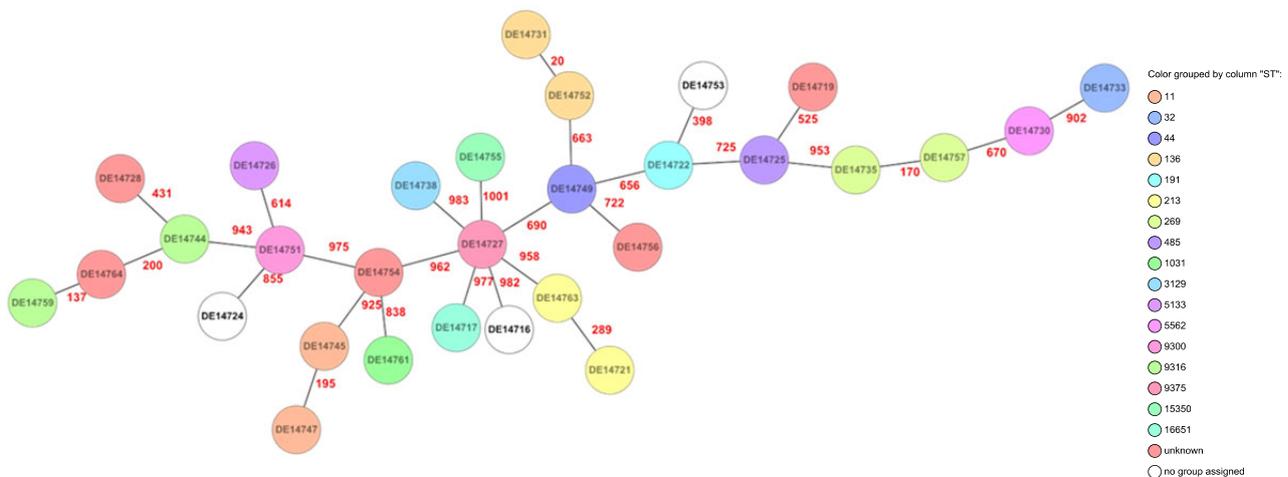
Antibiotikum	sensibel	resistent
Penicillin	43	4 (8,5%)
Cefotaxim	46	1
Ciprofloxacin	46	1
Rifampicin	47	

Der EUCAST-Grenzwert für Penicillin wurde 2021 von 0,06µg/ml auf 0,25µg/ml angehoben, sodass der Bereich der intermediären Empfindlichkeit entfällt.

Ein Meningokokken-Isolat fiel durch eine ungewöhnliche Multiresistenz auf: Pen^R, Ctx^R, Cip^R. Das für die Penicillinresistenz verantwortliche Penicillin-Bindungsprotein 2 weist die für einen Penicillin-resistenten Stamm typischen Mutationen auf, ebenso weist die DNA-Gyrase Untereinheit A eine für die Ciprofloxacin-Resistenz typische Mutation auf.

Meningokokkentypisierung auf der Basis von Ganzgenomsequenzierungen

Bisher wurden 29 der 47 Meningokokkenisolate Genom-sequenziert (Stand 05.03.2022). Es gibt zahlreiche Unterschiede zwischen den Isolaten und keinen Feintyp, der mehr als zweimal vorkommt. Bisher konnte retrospektiv kein Cluster nachgewiesen werden, sodass alle Fälle als sporadisch zu werten sind.



Die Abbildung zeigt einen minimum spanning tree der Genomsequenzanalyse, der auf der Basis des cgMLST-Schemas von Ridom SeqSphere+ erstellt wurde. Stämme mit identischem Sequenztyp (ST) sind durch die gleiche Farbe gekennzeichnet. Die roten Zahlen geben die Anzahl unterschiedlicher Genvarianten zwischen den Stämmen an. Von einem Cluster ist bei 6 oder weniger unterschiedlichen Genvarianten auszugehen.

Allgemeiner Hinweis

Die Daten des NRZMHi werden im Auftrag des RKI ermittelt. Eine wissenschaftliche Verwertung der Daten durch Dritte ist ohne Genehmigung des NRZMHi und des RKI nicht gestattet. Eine kommerzielle Verwertung der Daten z.B. für Werbezwecke ist untersagt. Eine Reproduktion der grafischen oder tabellarischen Darstellung auch zum Zwecke von Vorträgen ist nicht gestattet.