



· · · I · H · M ·

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



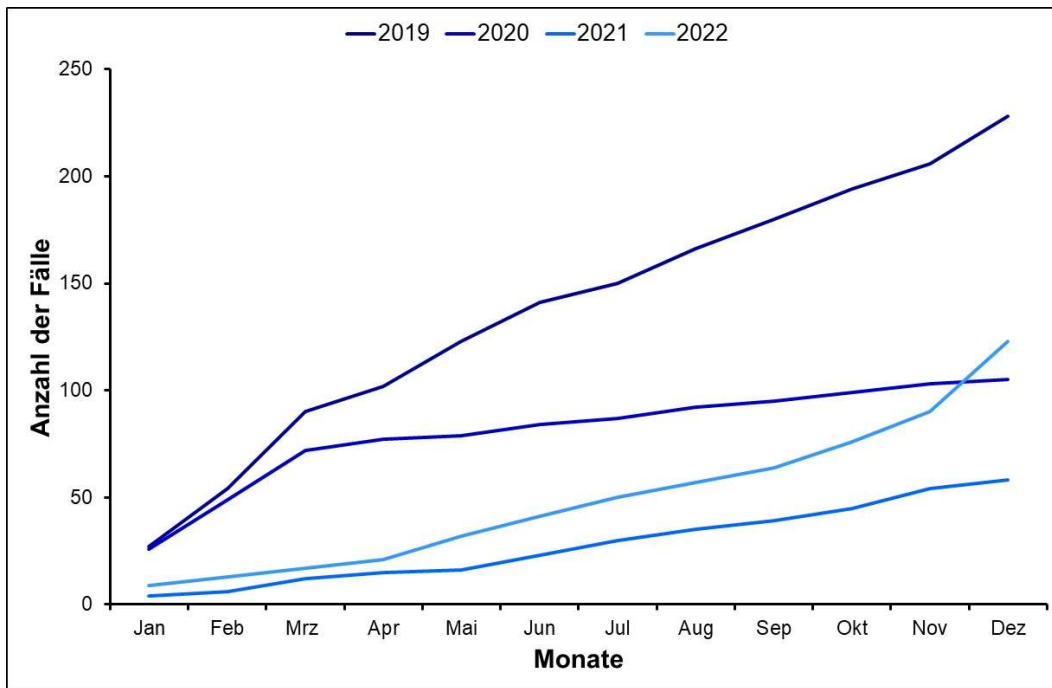
## **Daten zur Laborüberwachung von Meningokokken (2022)**

### **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 2022 205 Proben von 182 Patienten untersucht. Das NRZMHi konnte *Neisseria meningitidis* bei 149 Patienten nachweisen. Bei 122 Patienten erfolgte der Meningokokkennachweis aus primär sterilen Materialien (diese Zahl entspricht der Anzahl der invasiven Erkrankungen), wobei in 26 Fällen (Nativmaterial und nicht mehr kultivierbare Meningokokken) Meningokokken ausschließlich mit kulturunabhängigen Methoden nachgewiesen wurden (21,3% von 122). Im Vergleich dazu wurden im Jahr 2022 141 Fälle invasiver Meningokokkenerkrankungen an das RKI gemeldet (Stand 02.02.2023, SurvStat@RKI). Da das NRZMHi alle Befunde den jeweils zuständigen Gesundheitsämtern übermittelt, kann davon ausgegangen werden, dass ca. 87% der an das RKI gemeldeten Fälle im NRZMHi untersucht wurden (2021: 81%).

Die Inzidenz der invasiven Meningokokkenerkrankungen in Deutschland ist 2022 (0,17/100.000 Einwohner, Stand 02.02.2023, SurvStat@RKI) deutlich angestiegen im Vergleich zum Vorjahr (0,09/100.000) und entspricht der von 2020.

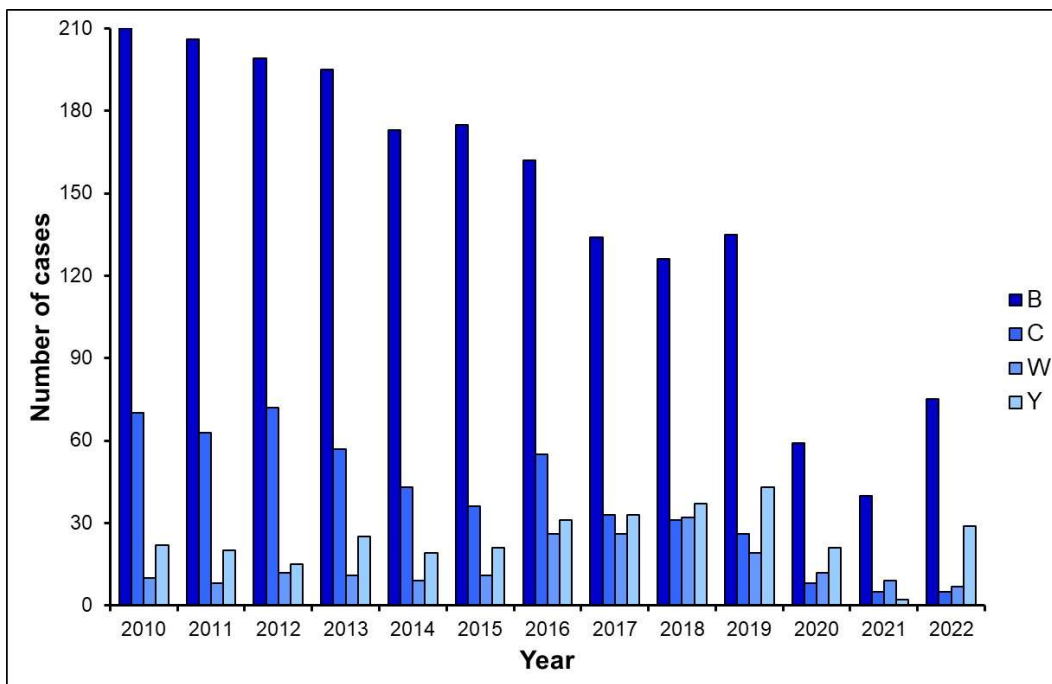
## Entwicklung der Meningokokkenfälle 2019-2022



Kumulative Darstellung der Anzahl der in den Jahren 2019 bis 2022 am NRZMHi untersuchten invasiven Meningokokkenfälle

Mit Beginn des ersten bundesweiten Lockdowns im März 2020 kam es zu einem deutlichen Rückgang der am NRZMHi untersuchten invasiven Meningokokkenfälle, der bis 2021 anhielt. Seit dem Frühjahr 2022 nimmt die Anzahl der Fälle allmählich zu.

## Verteilung der Serogruppen B, C, W und Y (2010-2022)



Im Jahr 2022 nahm die Anzahl der Serogruppe Y-Fälle deutlich zu.

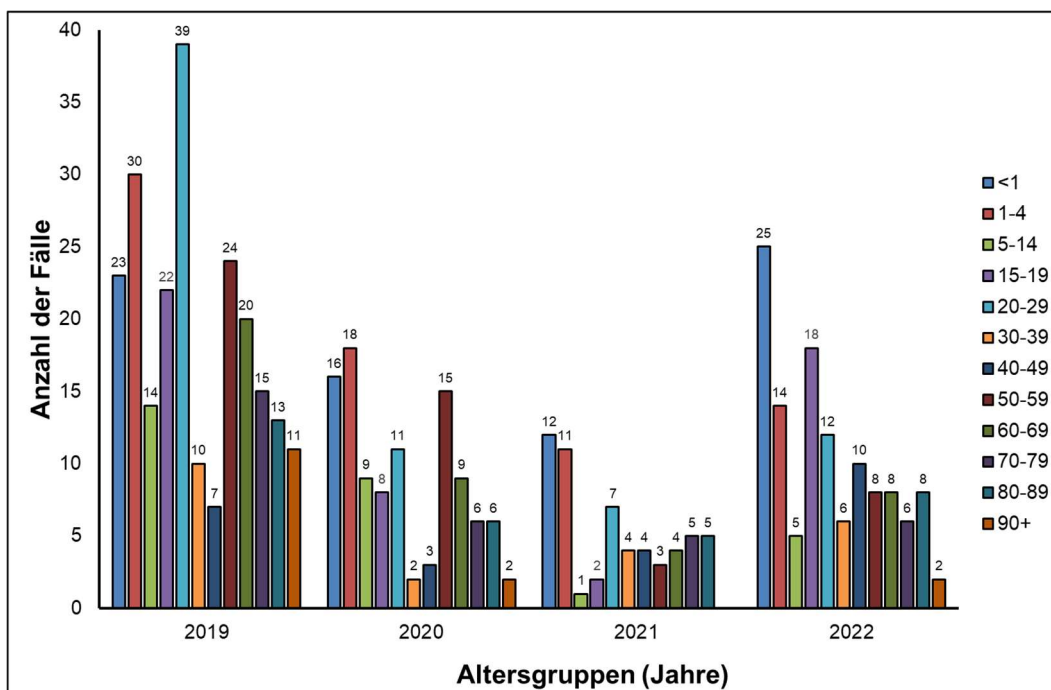
### Serogruppen aufgeschlüsselt nach Bundesländern (2022)

Serogruppe	BW	BY	BE	BB	HB	HH	HE	MV	NI	NW	RP	SL	SN	ST	SH	TH	Unbek.
<b>B</b>	8	11	6	5	1	3	1	1	4	16	3	3	1	1	3	5	3
<b>C</b>	1	1	1						1	1							
<b>W</b>		1		1				1		4							
<b>Y</b>	3	13	1						2	2	1		1		2	2	2
<b>Andere*</b>		1								3	1						1
<b>untersuchte Fälle im NRZMHI</b>	12	27	8	6	1	3	1	2	7	26	5	3	2	1	5	7	6
<b>Inzidenz/100.000</b>	0,13	0,24	0,24	0,28	0,15	0,16	0,1	0,31	0,12	0,17	0,1	0,2	0,07	0,09	0,17	0,38	

\*Bei den anderen Serogruppen handelte es sich um die Serogruppen E (n=1) und X (n=2). In zwei Fällen konnte die Serogruppe nicht bestimmt werden und in einem Fall besaß das Isolat keine Kapselgene (cni= capsule null locus).

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

### Meningokokkenfälle aufgeschlüsselt nach Altersgruppen (2019 - 2022)



Eine hohe Zunahme der Fälle gab es im Jahr 2022 bei den Säuglingen, den 15-19-Jährigen und den 40-49-Jährigen, bei denen nahezu Prä-Pandemie-Werte erreicht wurden.

## Antibiotikaresistenzen von invasiven Meningokokkenisolaten

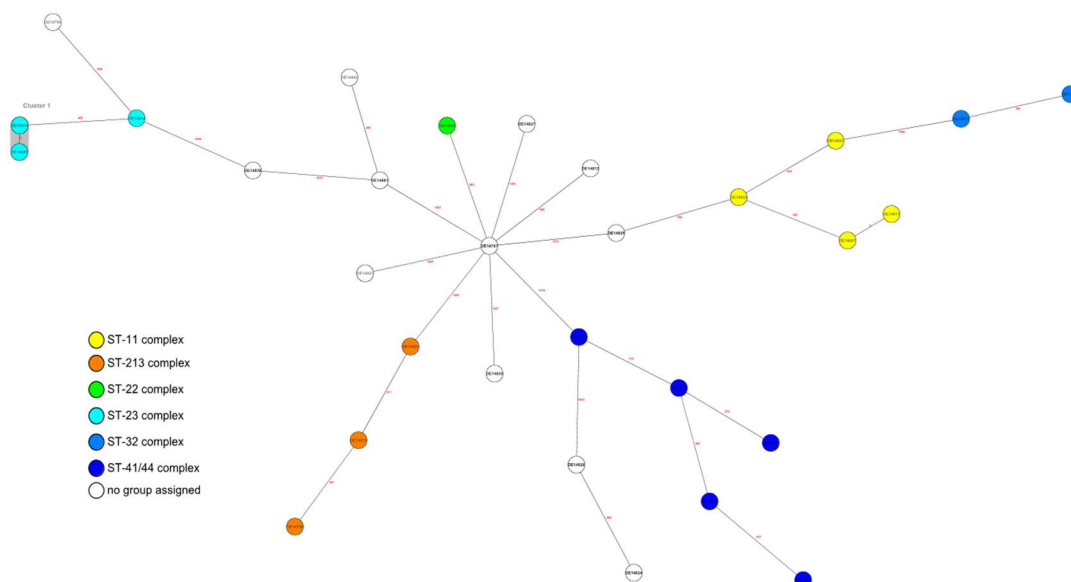
(nach Kriterien von EUCAST 2022)

Antibiotikum	sensibel	resistent
Penicillin	89	7 (7,2%)
Cefotaxim	94	2
Ciprofloxacin	93	3
Rifampicin	96	

Der Anteil Penicillin-resistenter Isolate ist auf ähnlichem Niveau (8,2%) wie im letzten Jahr. Erneut gab es ein Meningokokken-Isolat mit der ungewöhnliche Multiresistenz: Pen<sup>R</sup>, Ctx<sup>R</sup>, Cip<sup>R</sup>.

## Meningokokkentypisierung auf der Basis von Ganzgenomsequenzierungen

Bisher wurden die Meningokokkenisolate (n=30) des ersten Halbjahrs 2022 Genom-sequenziert (Stand 25.04.2023). Es wurde ein Cluster (Y: P1.5-1,2-2:F5-8) mit zwei Isolaten identifiziert, die nur zwei Allelunterschiede aufwiesen.



Die Abbildung zeigt einen *minimum spanning tree* der Genomsequenzauswertung auf der Basis des *cgMLST*-Schemas von *Ridom SeqSphere+*.

Farblich hervorgehoben sind Stämme der am häufigsten vorkommenden klonalen Komplexe gemäß Multilokus-Sequenztypisierung. Von einem Cluster (grau unterlegt) wird ausgegangen, wenn es sechs oder weniger Allelunterschiede zwischen zwei Stämmen gibt.

## 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 Verwendung der Daten z.B. für Werbezwecke ist untersagt. Eine Reproduktion der grafischen oder tabellarischen Darstellung auch zum Zwecke von Vorträgen ist nicht gestattet.