



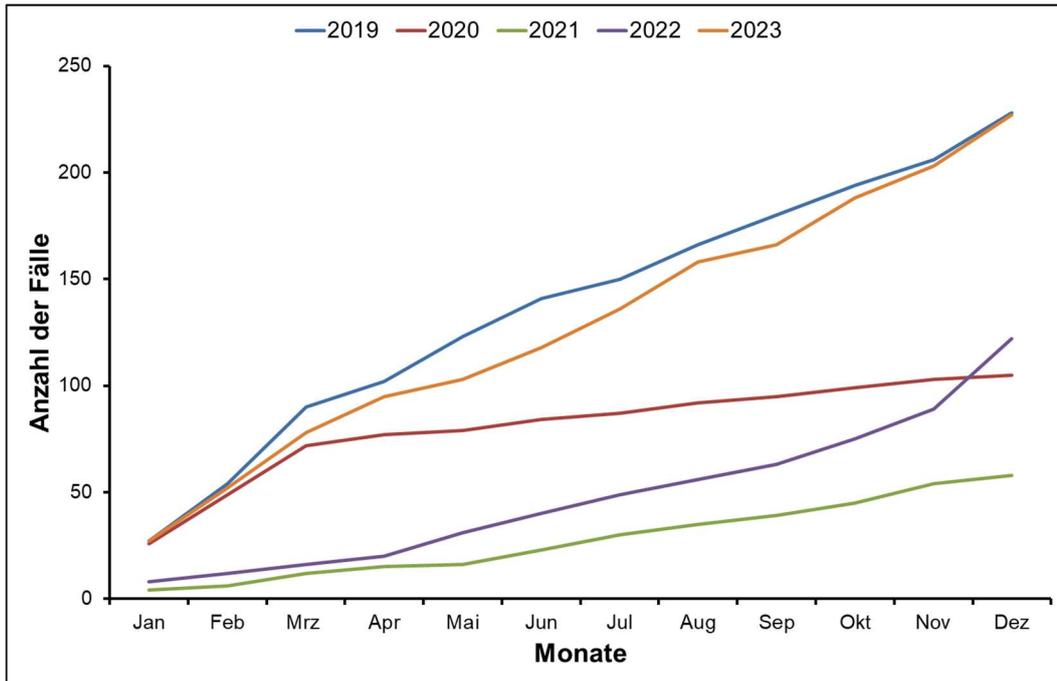
I·H·M·

**Nationales Referenzzentrum
für Meningokokken und *Haemophilus influenzae*
(NRZMHi)****Daten zur Laborüberwachung von Meningokokken (2023)****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 2023 389 Proben von 347 Patienten untersucht. Das NRZMHi konnte *Neisseria meningitidis* bei 327 Patienten nachweisen. Bei 226 Patienten erfolgte der Meningokokkennachweis aus primär sterilen Materialien (diese Zahl entspricht der Anzahl der invasiven Erkrankungen), wobei in 33 Fällen (Nativmaterial und nicht mehr kultivierbare Meningokokken) Meningokokken ausschließlich mit kulturunabhängigen Methoden nachgewiesen wurden (15% von 226). Im Vergleich dazu wurden im Jahr 2023 253 Fälle invasiver Meningokokkenerkrankungen an das RKI gemeldet (Stand 02.02.2024, SurvStat@RKI). Da das NRZMHi alle Befunde den jeweils zuständigen Gesundheitsämtern übermittelt, kann davon ausgegangen werden, dass ca. 90% der an das RKI gemeldeten Fälle im NRZMHi untersucht wurden (2022: 87%).

Die Inzidenz der invasiven Meningokokkenerkrankungen in Deutschland ist 2023 (0,3/100.000 Einwohner, Stand 02.02.2024, SurvStat@RKI) deutlich angestiegen im Vergleich zum Vorjahr (0,17/100.000).

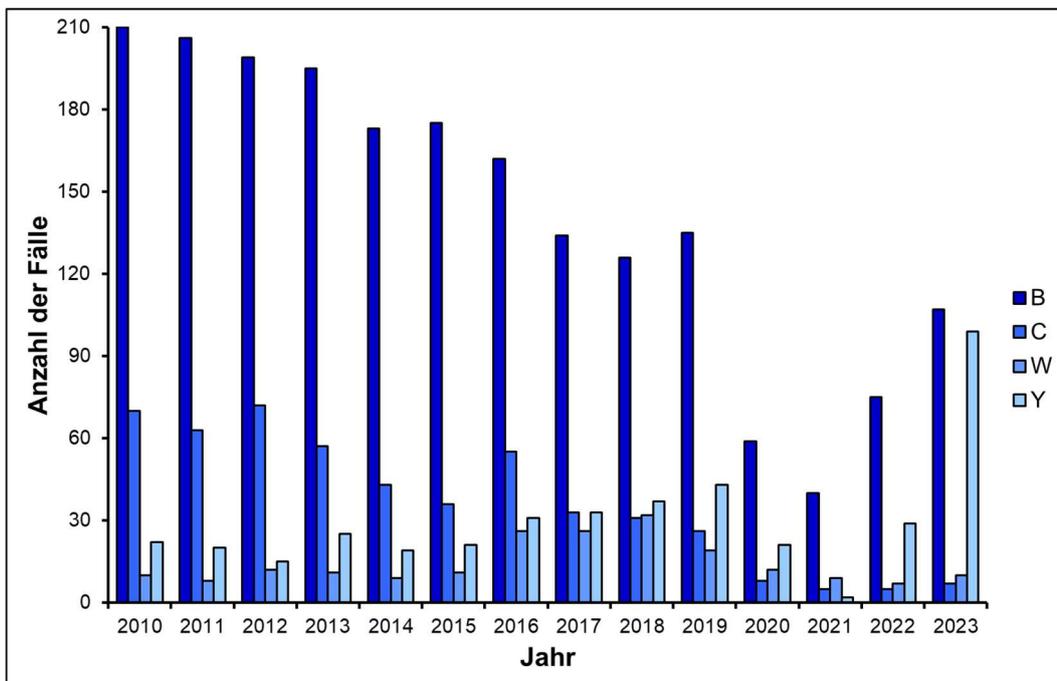
Entwicklung der Meningokokkenfälle 2019-2023



Kumulative Darstellung der Anzahl der in den Jahren 2019 bis 2023 am NRZMHi untersuchten invasiven Meningokokkenfälle

Nach der COVID-19-Pandemie nahm die Anzahl der am NRZMHi untersuchten invasiven Meningokokkenfälle ab Frühjahr 2022 allmählich zu und erreichte 2023 wieder das präpandemische Niveau.

Verteilung der Serogruppen B, C, W und Y (2010-2023)



Die bereits 2022 beobachtete Zunahme von Serogruppe Y-Fällen setzte sich 2023 fort, so dass deren Anteil fast dem der Serogruppe B-Fälle entsprach.

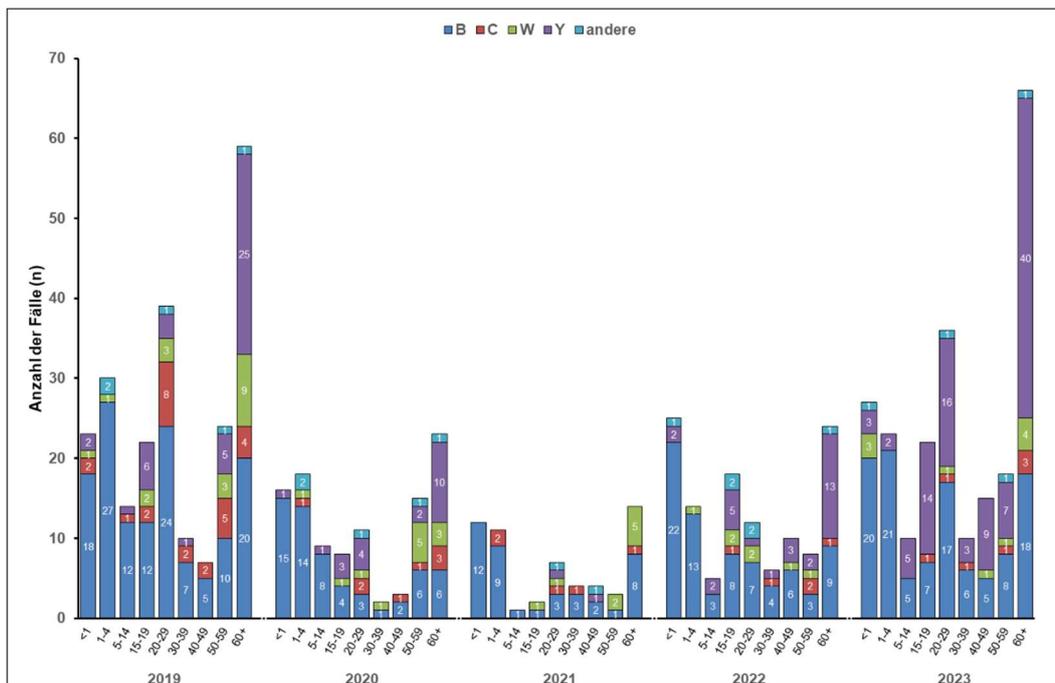
Serogruppen aufgeschlüsselt nach Bundesländern (2023)

Bundesländer	Serogruppen					untersuchte Fälle im NRZMHi	Inzidenz/ 100.000
	B	C	W	Y	Andere*		
BW	14	1	1	16	1	33	0,34
BY	12		1	25	2	40	0,33
BE	8	1	1	2		12	0,35
BB	4			3		7	0,31
HB	2					2	0,44
HH	6	1		1		8	0,53
HE	6		2	10		18	0,3
MV	3					3	0,18
NI	9			8		17	0,22
NW	21	3	3	22		49	0,35
RP	5			2		7	0,19
SL	3			1		4	0,4
SN				3	1	4	0,15
ST	5		1			6	0,27
SH	1		1			2	0,17
TH	2			3		5	0,24
Unbek.	6	1		2		9	

*Bei den anderen Serogruppen handelt es sich um die Serogruppe E (n=2). In zwei Fällen konnte die Serogruppe nicht bestimmt werden.

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 Serogruppen und Altersgruppen (2019 - 2023)



Im Vergleich zu den Fallzahlen von 2019 hat der Anteil der Serogruppe Y-Fälle in den Altersgruppen über 4 Jahre deutlich zugenommen.

Antibiotikaresistenzen von invasiven Meningokokkenisolaten

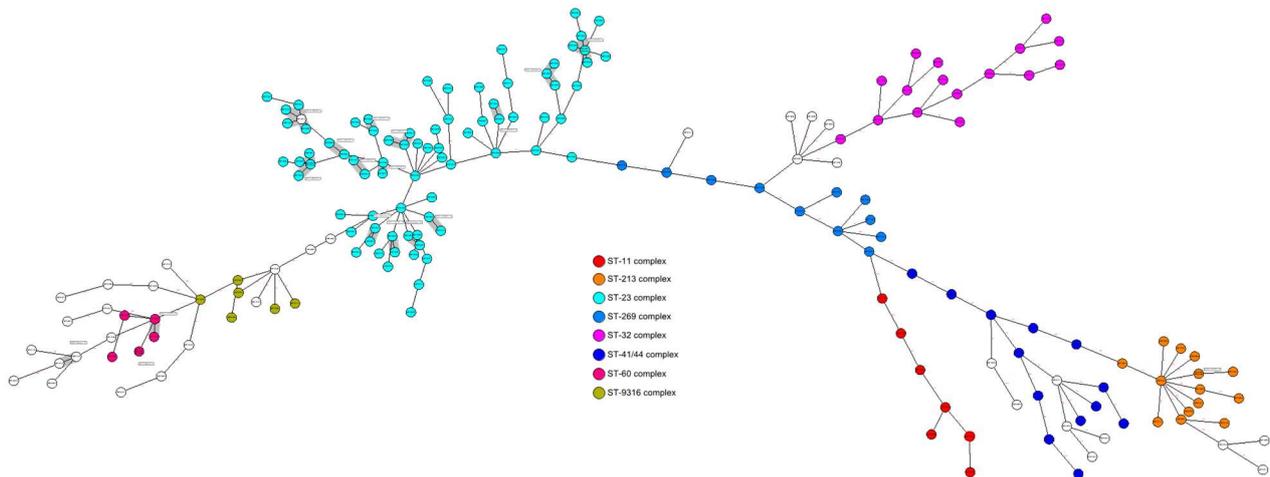
(nach Kriterien von EUCAST 2023)

Antibiotikum	sensibel	resistent
Penicillin	176	17 (8,8%)
Cefotaxim	191	2
Ciprofloxacin	192	1
Rifampicin	190	3

Der Anteil Penicillin-resistenter Isolate ist auf ähnlichem Niveau wie im letzten Jahr (2022: 7,2%). Es gab ein Meningokokken-Isolat mit einer Dreifachresistenz: Pen^R, Ctx^R, Rif^R und jeweils ein Pen^R/Ctx^R- bzw. Pen^R/Cip^R-Isolat. Des Weiteren besaß ein Isolat eine β -Laktamase.

Meningokokkentypisierung auf der Basis von Ganzgenomsequenzierungen

Von 189 invasiven Meningokokkenisolaten aus dem Jahr 2023 wurde ein Ganzgenomsequenzierung durchgeführt, die auf Basis der core genome Multilokus-Sequenztypisierung (cgMLST) analysiert wurde.



Die Abbildung zeigt einen minimum spanning tree auf der Basis des cgMLST-Schemas von Ridom SeqSphere+. Farblich hervorgehoben sind Isolate, die zu häufig vorkommenden klonalen Komplexen gemäß Multilokus-Sequenztypisierung gehören.

Von einem genetischen Cluster (grau unterlegt) wird ausgegangen, wenn sechs oder weniger Genunterschiede zwischen zwei Stämmen gibt. Insgesamt sind in der Abbildung 18 genetische Cluster zu sehen (15 Serogruppe Y-Cluster und 3 Serogruppe B-Cluster). Nur in wenigen Fällen gab es ein epidemiologischer Zusammenhang.

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.