Staat van Zoönosen 2020

Staat van Zoönosen 2020

Colofon

© RIVM 2021
Delen uit deze publicatie mogen worden overgenomen op voorwaarde van bronvermelding:
Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM), de titel van de publicatie en het jaar van uitgave.
DOI 10.21945/RIVM-2021-0190

Auteurs: Frits Vlaanderen (RIVM), Tryntsje Cuperus (RIVM), Ingrid Keur (NVWA), Mauro De Rosa (NVWA), Harry Rozendaal (NVWA), Ingrid Friesema (RIVM), Ariene Rietveld (GGD), Wim van der Poel (WBVR), Eelco Franz (RIVM) en Kitty Maassen (RIVM).

Met dank aan:
Liselotte van Asten (RIVM), Nancy Beerens (WBVR), Maaike van den Beld (RIVM), Thijs Bosch (RIVM), Petra Brandsema (RIVM), Marloes van Dijk (FD), Frederika Dijkstra (RIVM), Janneke Duijster (RIVM), Phaedra Eble (WBVR), Frits Franssen (RIVM), Rianne van Gageldonk-Lafeber (RIVM), Joke van der Giessen (RIVM), Marga Goris (AMC NRL), George Haringhuizen (RIVM), Mark den Hartog (NEPLUVI), Max Heck (RIVM), Edou Heddema (Zuyderland MC), Marloes Heijne (WBVR), Marieke Hendriksen (RIVM), Wim van der Hoek (RIVM), Agnetha Hofhuis (RIVM), Lenny Hogerwerf (RIVM), Mariëtte Hooiveld (NIVEL), Hans van den Kerkhof (RIVM), Miriam Koene (WBVR), Kristin Kremer (RIVM), Marit de Lange (RIVM), Lucien van Keulen (WBVR), Ad Koets (WBVR), Titia Kortbeek (RIVM), Riks Maas (WBVR), Miriam Maas (RIVM), Adam Meijer (RIVM), Lapo Mughini Gras (RIVM), Annabel Niessen (RIVM), Daan Notermans (RIVM), Marieke Opsteegh (RIVM), Wilfrid van Pelt (RIVM), Roan Pijnacker (RIVM), Johan Reimerink (RIVM), Frans Reubsaet (RIVM), Daphne Reukers (RIVM), Jolianne Rijks (DWHC), Imke Schreuder (RIVM), Erika Slump (RIVM), Marcel Spierenburg (NVWA), Corien Swaan (RIVM), Arno Swart (RIVM), Nedzib Tafro (NVWA), Anne Teirlinck (RIVM), Lola Tulen (RIVM), Kees Veldman (WBVR), Vanessa Visser (NVWA), Menno van der Voort (NVWA), Maaike de Vries (RIVM), Jaap Wagenaar (FD), Margreet te Wierik (RIVM), Ben Wit (NVWA) en Bart Wullings (WFSR).

Foto omslag: ANP

Contact:
Frits Vlaanderen, Kitty Maassen
Frits.vlaanderen@rivm.nl
Kitty.maassen@rivm.nl

Publiekssamenvatting

Staat van Zoönosen 2020

Zoönosen zijn infectieziekten die van dier op mens kunnen worden overgedragen. Het RIVM maakt in opdracht van de NVWA elk jaar een overzicht van de belangrijkste zoönosen en geeft aan hoe vaak ze in Nederland voorkomen. Het gaat om de zoönosen die artsen en dierenartsen moeten melden bij de GGD (voor mensen) of de NVWA (voor dieren). Beleidsmakers kunnen deze informatie gebruiken om, als het nodig is, effectieve maatregelen te treffen.

De belangrijkste ontwikkeling in 2020 was de uitbraak in maart van het nieuwe coronavirus (SARS-CoV-2) in Nederland, het virus dat de ziekte COVID-19 veroorzaakt. Naast mensen bleken ook dieren, en vooral nertsen, besmet te kunnen worden. De overheid wilde met maatregelen voorkomen dat nertsen het coronavirus zouden overdragen op mensen. Toch bleef het aantal besmettingen onder nertsen stijgen. Daarom is in 2020 besloten om eerder dan was afgesproken te stoppen met de nertsenhouderij in Nederland.

Een andere belangrijke ontwikkeling was de eerste besmetting met het westnijlvirus in Nederland bij een vogel (grasmus). Dit virus komt voor bij vogels en wordt overgebracht door muggen die zich voeden met bloed van besmette vogels. Deze muggen verspreiden het virus naar andere vogels en soms ook naar mensen en zoogdieren, zoals paarden. In oktober 2020 is het virus voor het eerst bij 8 mensen in Nederland vastgesteld. De meeste mensen worden niet ziek van een infectie met het virus. Ongeveer 1 op de 5 van de besmette mensen krijgt milde griepachtige symptomen zoals koorts, hoofdpijn en spierpijn. Slechts 1 procent van de besmette mensen krijgt een ernstige ziekte, zoals hersenontsteking.

De Staat van Zoönosen behandelt elk jaar een thema. Dit jaar is het thema *"emerging zoonoses"*. Dat zijn nieuwe of bekende zoönosen, waarvan het aantal besmettingen plotseling sterk kan toenemen. Het thema gaat in op een aantal *emerging zoönoses* die via wilde dieren, vee, huisdieren en teken in Nederland plotseling zouden kunnen toenemen en wat er wordt gedaan om dit te voorkomen.

Kernwoorden: zoonosen, emerging zoonoses, nertsen, nertsenhouderijen, COVID-19, SARS-CoV-2, corona, maatregelen, westnijlkoorts

Synopsis

State of Zoonoses 2020

Zoonoses are infectious diseases that can be transmitted from animals to humans. Each year, at the request of the Netherlands Food and Consumer Product Safety Authority, RIVM prepares an overview of the most important zoonoses and indicates their prevalence in the Netherlands. The zoonoses in question are those that physicians and veterinarians have to report to the municipal health service (for people) or the Netherlands Food and Consumer Product Safety Authority (for animals). Policymakers can use this information to take effective measures when necessary.

The most important development in 2020 was the outbreak in March of the novel coronavirus (SARS-CoV-2) in the Netherlands, the virus that causes COVID-19. It turned out that, in addition to humans, animals could also become infected, in particular minks. The government was planning to take measures to prevent minks from transmitting the coronavirus to humans. However, the number of infections under minks continued to increase. As a result, a decision was taken in 2020 to stop with mink farming in the Netherlands sooner than previously agreed upon.

Another important development was the first infection of the West Nile virus in a bird (warbler) that was reported in the Netherlands. This virus is present in birds and is transmitted by mosquitoes who feed on the blood of infected birds. These mosquitoes transmit the virus to other birds and sometimes also to humans and mammals such as horses. In October 2020, the virus was found for the first time in the Netherlands in 8 different persons. Most persons infected with the virus do not become sick. About 1 out of every 5 infected persons develops mild flulike symptoms such as fever, headache, and muscle aches. Only 1% of infected persons develop a serious illness, such as encephalitis.

Each year, the State of Zoonoses deals with a different theme. This year, the theme is *'emerging zoonoses'*. These are novel or familiar zoonoses for which the number of infections can suddenly increase rapidly. The theme this year deals with a number of *emerging zoonoses* which could suddenly increase in the Netherlands via wild animals, livestock, pets, and ticks and what is being done to prevent this from occurring.

Keywords: zoonoses, emerging zoonoses, minks, mink farms, COVID-19, SARS-CoV-2, corona, measures, West Nile fever

Inhoud

1 Inleiding **7**
1.1 Opbouw 7
1.2 Verantwoording 8
1.3 Geraadpleegde literatuur en referenties 8

2 Trends **9**
2.1 Algemene demografische gegevens 9
2.1.1 Bevolking 9
2.1.2 Gezelschaps- en landbouwhuisdieren 9
2.1.3 Invoer van levende dieren en dierlijke producten 11
2.2 Meldingsplichtige zoönosen 12
2.2.1 Regelgeving over de opsporing en bestrijding van de bron van een zoönose 14
2.3 Dierziekte-vrij status 14
2.4 Antrax 15
2.4.1 Antrax bij mensen 15
2.4.2 Antrax bij dieren 16
2.5 Aviaire Influenza 16
2.5.1 Aviaire influenza bij dieren (vogels) 16
2.5.2 Aviaire influenza bij mensen 17
2.6 Botulisme 18
2.6.1 Botulisme bij de mens 18
2.6.2 Botulisme bij dieren 18
2.7 Brucellose 19
2.7.1 Brucellose bij dieren 20
2.7.2 Brucellose bij de mens 20
2.8 BSE 21
2.9 *Burkholderia mallei* 21
2.10 Campylobacteriose 22
2.10.1 Humane campylobacteriose 22
2.10.2 *Campylobacter* bij dieren en dierlijke producten 23
2.10.3 Resistentieontwikkeling 24
2.11 Echinokokkose 24
2.11.1 Echinokokkose bij dieren 25
2.11.2 Echinokokkose bij mensen 26
2.12 Leptospirose 27
2.12.1 Leptospiren bij mensen 27
2.12.2 Leptospiren bij dieren 28
2.13 Listeriose 29
2.13.1 Listeriose bij mensen 29
2.13.2 *Listeria* in voedsel 30
2.14 Orthohantavirus 31
2.14.1 Orthohantavirus-infecties bij mensen 31
2.14.2 Orthohantavirus bij dieren 32
2.15 Psittacose en andere chlamydia-infecties van dierlijke oorsprong 32
2.15.1 Humane situatie 32
2.15.2 *Chlamydia psittaci* bij dieren 35
2.15.3 Andere mogelijk zoönotische *Chlamydia*-soorten 36
2.16 Q-koorts 37
2.16.1 Humane meldingen 37
2.16.2 Q-koorts veterinair 38
2.17 Rabiës 39
2.17.1 Rabiës bij de mens 39
2.17.2 Rabiës bij dieren 39

2.18 Salmonellose 40
2.18.1 Trends in salmonellose bij de mens 41
2.18.2 *Salmonella* bij landbouwhuisdieren en in dierlijke producten 43
2.18.3 Bronnen van besmetting 47
2.18.4 Resistentieontwikkeling 48
2.18.5 Conclusies 48
2.19 SARS-CoV-2 48
2.19.1 Opkomst 48
2.19.2 Tweede periode (juli 2020 tot en met januari 2021) 49
2.19.3 SARS-CoV-2 bij dieren 49
2.20 STEC 50
2.20.1 STEC bij mensen 50
2.20.2 STEC bij dieren en in voedsel 51
2.21 Toxoplasmose 51
2.21.1 *Toxoplasma* bij mensen 51
2.21.2 *Toxoplasma* bij dieren 53
2.21.3 Bronattributie 54
2.21.4 Preventie 54
2.22 Trichinellose 54
2.22.1 *Trichinella* bij dieren 55
2.22.2 Trichinellose bij mensen 56
2.23 Tuberculose 56
2.23.1 *Mycobacterium bovis*-infecties bij de mens 56
2.23.2 *Mycobacterium bovis*-infecties bij dieren 57
2.24 Tularemie 57
2.24.1 Tularemie bij mensen 57
2.24.2 Tularemie bij dieren 57
2.24.3 *F. tularensis* in water 58
2.24.4 Clades van *F. tularensis* 58
2.25 Voedsel-gerelateerde uitbraken 58
2.26 Geraadpleegde literatuur 60

3 Uitgelicht 65
3.1 SARS-CoV-2 bij nertsen 65
3.2 Westnijlkoorts en westnijl-neurologisch-syndroom 66
3.3 *Baylisascaris procyonis* 67
3.4 Geraadpleegde literatuur 68

4 Emerging zoonoses 69
4.1 Inleiding 69
4.2 Emerging zoonoses die belangrijk zijn voor Nederland 70
4.2.1 Hepatitis E 70
4.2.2 Tekenencefalitis 71
4.2.3 *Brucella canis* in Nederland 72
4.2.4 Vogelgriep in Nederland 72
4.2.5 De vossenlintworm 73
4.3 Drijvende krachten die kunnen leiden tot emerging zoonoses 74
4.3.1 Omgang tussen mens en dier 75
4.3.2 Verandering in landgebruik 75
4.3.3 Klimaatverandering en variabiliteit in het weer 75
4.4 Geraadpleegde literatuur 75

5 Gebruikte afkortingen 77

1 Inleiding

Rond de jaarwisseling van 2019/2020 werd bekend dat er in China een nieuw coronavirus was uitgebroken. Het virus was zeer waarschijnlijk van dierlijke oorsprong en kreeg de naam SARS-CoV-2 en de ziekte die het virus bij mensen veroorzaakt, heet COVID-19. Op 27 februari werd de eerste patiënt in Nederland positief getest. Het virus verspreidt zich razendsnel en op 23 maart gaat Nederland in lockdown. Het coronavirus houdt Nederland en vele andere landen in de wereld nog steeds in zijn greep.

COVID-19 is overigens niet de enige zoönose die in 2020 voor het eerst in Nederland is opgedoken. In oktober 2020 werd er een grasmus in Zuilen positief getest op het westnijlvirus. Dit is een virus dat kan voorkomen bij vogels en via muggen kan worden overgedragen op de mens en andere zoogdieren. Al snel bleek dat ook muggen in het desbetreffende gebied positief testten op hetzelfde virus en later werd bij acht mensen een infectie met het westnijlvirus vastgesteld. De ziekte die het westnijlvirus bij mensen kan veroorzaken heet westnijlkoorts.

Zowel westnijlkoorts als COVID-19 kunnen beschouwd worden als emerging zoonoses. Dit zijn zöonosen die worden veroorzaakt door nieuwe ziekteverwekkers of door reeds bekende ziekteverwekkers, die voorkomen op plaatsen of bij soorten waar de ziekte eerder niet voorkwam. De redactieraad van *Staat van Zoönosen* 2020 kon er daarom niet omheen: het thema van het jaar 2020 moet zijn 'emerging zoonoses'.

In de *Staat van Zoönosen 2020* wordt uitgebreid ingegaan op de ontwikkelingen rondom SARS-CoV-2 en het westnijlvirus. Daarnaast worden er in het themahoofdstuk ook vijf andere emerging zoonoses behandeld die een potentieel risico kunnen vormen voor Nederland, namelijk: vossenlintworm, *Brucella canis*, hepatitis E, vogelgriep en tekenencefalitis. Bij deze zoönosen wordt ingegaan op de verschijnselen bij mensen, het dierreservoir en wat er in Nederland wordt gedaan om de verspreiding te monitoren en tegen te gaan. Daarnaast wordt ingegaan op de omstandigheden die bijdragen aan het ontstaan/uitbreken van emerging zoonoses, zoals klimaatverandering, dierenmarkten waar levende dieren worden verhandeld en geslacht, *bushmeat* en ontbossing.

1.1 Opbouw

De *Staat van Zoönosen* begint in hoofdstuk 2 ('Trends') met de trends en ontwikkelingen van de meldingsplichtige zoönosen voor het jaar 2020. In hoofdstuk 3 ('Uitgelicht') wordt dieper ingegaan op een aantal ontwikkelingen rondom uitbraken en onderzoek. Hoofdstuk 4 ('Thema') heeft als onderwerp dit jaar 'emerging zoonoses'. In dit themahoofdstuk wordt

ingegaan op verschillende emerging zoonoses die voor Nederland van belang zijn. Daarnaast wordt ingegaan op een aantal omstandigheden die kunnen bijdragen aan het ontstaan/opkomen van emerging zoonoses. Achter elk hoofdstuk is een referentielijst opgenomen, waarin meer informatie over het desbetreffende onderwerp gevonden kan worden. Ook is er een verklarende afkortingenlijst opgenomen (hoofdstuk 5).

1.2 Verantwoording

De inleiding is geschreven en samengesteld door Frits Vlaanderen (RIVM). Tot het redactieteam behoren Kitty Maassen, Tryntsje Cuperus (RIVM), Eelco Franz (RIVM), Ingrid Friesema (RIVM), Ingrid Keur (NVWA), Wim van der Poel (WBVR), Mauro De Rosa (NVWA), Ariene Rietveld (GGD), Harry Rozendaal (NVWA) en Frits Vlaanderen. Het redactieteam heeft meegedacht, meegeschreven en/of meegelezen aan alle hoofdstukken.

Aan hoofdstuk 2 ('Trends') en 3 ('Uitgelicht') hebben bovendien bijgedragen: Liselotte van Asten (RIVM), Nancy Beerens (WBVR), Maaike van den Beld (RIVM), Thijs Bosch (RIVM), Petra Brandsema (RIVM), Marloes van Dijk (FD), Frederika Dijkstra (RIVM), Janneke Duijster (RIVM), Phaedra Eble (WBVR), Frits Franssen (RIVM), Rianne van Gageldonk-Lafeber (RIVM), Joke van der Giessen (RIVM), Marga Goris (AMC NRL), George Haringhuizen (RIVM), Mark den Hartog (NEPLUVI), Max Heck (RIVM), Edou Heddema (Zuyderland MC), Marloes Heijne (WBVR), Marieke Hendriksen (RIVM), Wim van der Hoek (RIVM), Agnetha Hofhuis (RIVM), Lenny Hogerwerf (RIVM), Mariëtte Hooiveld (NIVEL), Hans van den Kerkhof (RIVM), Miriam Koene (WBVR), Kristin Kremer (RIVM), Marit de Lange (RIVM), Lucien van Keulen (WBVR), Ad Koets (WBVR), Titia Kortbeek (RIVM), Riks Maas (WBVR), Miriam Maas (RIVM), Adam Meijer (RIVM), Lapo Mughini Gras (RIVM), Annabel Niessen (RIVM), Daan Notermans (RIVM), Marieke Opsteegh (RIVM), Wilfrid van Pelt (RIVM), Roan Pijnacker (RIVM), Johan Reimerink (RIVM), Frans Reubsaet (RIVM), Daphne Reukers (RIVM), Jolianne Rijks (DWHC), Imke Schreuder (RIVM), Erika Slump (RIVM), Marcel Spierenburg (NVWA), Corien Swaan (RIVM), Arno Swart (RIVM), Nedzib Tafro (NVWA), Anne Teirlinck (RIVM), Lola Tulen (RIVM), Kees Veldman (WBVR), Vanessa Visser (NVWA), Menno van der Voort (NVWA), Maaike de Vries (RIVM), Jaap Wagenaar (FD), Margreet te Wierik (RIVM), Ben Wit (NVWA) en Bart Wullings (WFSR).

Aan het themahoofdstuk 'Emerging zoonoses' hebben meegelezen en/of meegeschreven: Tryntsje Cuperus (RIVM), Eelco Franz (RIVM), Ingrid Friesema (RIVM), Ingrid Keur (NVWA), Kitty Maassen (RIVM), Wim van der Poel (WBVR), Mauro De Rosa (NVWA), Harry Rozendaal (NVWA), Joke van der Giessen (RIVM), Vanessa Visser (NVWA), Nancy Beerens (WBVR) en Frits Vlaanderen (RIVM).

Om recht te doen aan de inspanningen van velen, zijn literatuurverwijzingen opgenomen. Voor zover dit rapporten van het RIVM betreft, zijn deze te downloaden via de website van het RIVM. Andere rapportages die voor de *Staat van Zoönosen* van belang zijn, zijn de *Surveillance van influenza* en andere luchtweg-infecties en de *Staat van Infectieziekten*.

Tot slot willen we allen die bijgedragen hebben hartelijk danken.

1.3 Geraadpleegde literatuur en referenties

1. Bekedam, H., et al., *Zoönosen in het vizier*. (2021).
2. Reukers, D. F. M., et al. "Annual report Surveillance of influenza and other respiratory infections in the Netherlands: winter 2019/2020." (2021).
3. Lagerweij, G., et al. "Staat van Infectieziekten in Nederland, 2019." (2021).

2 Trends

2.1 Algemene demografische gegevens

Nedzib Tafro, Harry Rozendaal, Marcel Spierenburg

In dit hoofdstuk wordt een overzicht gegeven van de algemene demografische gegevens van zowel de humane als de dierpopulatie in Nederland in 2017 als relevante achtergrond bij het vóórkomen van zoönosen.

2.1.1 Bevolking

De totale Nederlandse bevolking bestond in 2020 uit ongeveer 17,4 miljoen mensen. De groei ten opzichte van eerdere jaren zet zich versterkt door. Vrouwen vormen net als in (de meeste) voorgaande jaren een kleine meerderheid (Tabel 2.1.1 en 2.1.2).
De leeftijdsopbouw verschuift, waarbij het aandeel van de groep 65-plussers in de afgelopen zeventig jaar is gegroeid van 7,7% in 1950 naar 19,5% van de totale bevolking in 2020 (Tabel 2.1.1).[≠–]

2.1.2 Gezelschaps- en landbouwhuisdieren

Gezelschapsdieren vormen een onderdeel van onze leefomgeving. Het is gebleken dat ze een positieve invloed hebben op de geestelijke en lichamelijke gezondheid van de eigenaar. Ruim de helft van de Nederlandse huishoudens heeft één of meerdere huisdieren. In 2015 is een studie gedaan naar het aantal huisdieren. Daarin wordt geschat dat het totaal aantal gezelschapsdieren 33,4 miljoen bedraagt.
Dit zijn ongeveer 2,6 miljoen katten, 1,5 miljoen honden, 3,9 miljoen zang- en siervogels, 5 miljoen postduiven, 1,2 miljoen konijnen, 0,5 miljoen knaagdieren, 0,65 miljoen reptielen, 9 miljoen aquariumvissen en 9 miljoen vijvervissen.[2]

In Tabel 2.1.3 en 2.1.4 worden de aantallen agrarische bedrijven en landbouwhuisdieren weergegeven en in Tabel 2.1.5 de aantallen slachtdieren. De aantallen geslachte dieren zijn afgelopen jaar gestabiliseerd. Het aantal geslachte vleeskuikens is flink afgenomen vanwege de sluiting van twee slachthuizen. Met uitzondering van bedrijven met kippen en geiten neemt het aantal bedrijven met landbouwhuisdieren verder af. De gegevens van Tabel 2.1.3 en 2.1.4 zijn afkomstig van het CBS. Voor het aantal leghennen en vleeskuikens is vanaf 2015 data van de NVWA gebruikt en in de overige jaren cijfers van CBS.

Tabel 2.1.1 Nederlandse bevolking naar geslacht en leeftijd op 1 januari 2020 (Bron: CBS).

Totale bevolking		17.407.585	%
Bevolking naar geslacht	Mannen	8.648.031	49,7
	Vrouwen	8.759.554	50,3
Bevolking naar leeftijd	0 tot 20 jaar	3.775.257	21,7
	20 tot 40 jaar	4.381.481	25,2
	40 tot 65 jaar	5.858.292	33,7
	65 tot 80 jaar	2.570.467	14,8
	80 jaar of ouder	822.088	4,7

Tabel 2.1.2 Nederlandse bevolking tot 1 januari 2020 (Bron: CBS).

Jaar	2016	2017	2018	2019	2020
Mannen	8.417.135	8.475.102	8.527.041	8.581.086	8.648.031
Vrouwen	8.561.985	8.606.405	8.654.043	8.701.077	8.759.554
Totale bevolking	16.979.120	17.081.507	17.181.084	17.282.163	17.407.585

Tabel 2.1.3 Aantal agrarische bedrijven (Bron: CBS).

Bedrijven	2016	2017	2018	2019	2020
Varkens	4.505	4.300	4.135	4.090	3.560
Runderen, totaal	26.630	26.260	25.393	24.610	24.020
Melk- en kalfkoeien	17.909	18.060	16.963	16.260	15.730
Vleeskalveren	1.860	1.570	1.227	1.675	1.670
Schapen	8.515	8.430	8.396	8.368	8.280
Geiten	2.658	2.660	2.972	3.043	3.050
Vleeskuikens	629	630	535	642	640
Leghennen	1.015	990	837	867	860
Paarden/pony's	8.056	8.410	8.405	7.683	7.890

Tabel 2.1.4 Aantallen dieren (x1.000), aanwezig in Nederland op moment van landbouwtelling (Bron: CBS, NVWA).[a]

Diercategorie	2016	2017	2018	2019	2020
Vleesvarkens	5.726	5.630	4.033	5.617	5.446
Fokzeugen	1.157	1.159	978	1.102	1.091
Runderen, totaal	4.245	4.069	3.945	3.810	3.838
Melk- en kalfkoeien	1.743	1.694	1.552	1.577	1.593
Vleeskalveren	956	953	988	1.065	1.071
Schapen	783	799	1.265	918	890
Geiten	500	533	651	614	633
Vleeskuikens	49.188	48.237	43.242	48.684	49.228
Leghennen*	46.209	46.442	47.747	44.319	43.165
Paarden/pony's	82	86	88	87	90

* Ouder dan 18 weken

a Gegevens vleeskuikens en leghennen van NVWA, overig CBS

Tabel 2.1.5 Aantallen slachtdieren per jaar (x1.000) (Bron: NVWA).

Diercategorie	2016	2017	2018	2019	2020
Runderachtigen, totaal	2.096	2.164	2.188	2.065	2.026
Varkens	15.373	15.169	15.572	15.686	15.884
Schapen	976	942	529	568	579
Geiten	139	137	177	173	201
Paarden/pony's	4	3	2	1.9	1.6
Kippen, vleeskuikens	628.403	621.658	625.303	625.241	600.952

Er is een verschil in de data die gerapporteerd wordt door de NVWA en de data van het CBS. De NVWA rapporteert het totaal aantal beschikbare UBN's, terwijl het CBS de UBN's vermeld met, op het moment van de landbouwtelling, daadwerkelijk aanwezige dieren. Hierdoor kunnen de CBS-cijfers afwijken van de cijfers die de NVWA rapporteert naar onder andere de EFSA en de OIE. Omdat vooral de bedrijven met dieren van belang zijn als het gaat om zoönosen, worden in de *Staat van Zoönosen 2017*, waar mogelijk, de cijfers uit de CBS-data gepresenteerd. De CBS-cijfers kunnen een voorlopig karakter hebben en daarom kan het zijn dat cijfers gerapporteerd in de *Staat van Zoönosen* van voorgaande jaren afwijken van de huidige cijfers.

2.1.3 Invoer van levende dieren en dierlijke producten

Levende dieren, zoals gezelschapsdieren, wilde en exotische dieren bestemd voor dierentuinen en paarden voor de sport, worden regelmatig over de wereld vervoerd. In 2020 zijn er op de Grenscontrolepost (GCP) Schiphol 11.355 zendingen vanuit tientallen verschillende landen buiten de EU (derde landen) voor importcontrole aangeboden (Tabel 2.1.6). Van de zendingen bestonden er 4.855 uit zendingen van levende dieren en 6.500 uit producten van dierlijke oorsprong. Niet al deze dieren blijven in Nederland; een deel ervan wordt naar een ander land binnen of buiten Europa doorgevoerd. Met een derde land wordt een land bedoeld dat niet is aangesloten bij de EU.

Tabel 2.1.6 Aantallen geïmporteerde levende dieren (en aantal partijen) via BIP Schiphol (Bron: NVWA).

Diercategorie	2017	2018	2019	
Siervissen	13.270.159 (2.288)	18.208.164 (2.472)	19.408.365 (2.415)	20.896.127 (1.857)
Varkens	518 (17)	603 (18)	259 (10)	50 (3)
Paarden	3.098 (3.098)	2.488 (2.488)	2.651 (2.651)	1.529 (1.529)
1 dags pluimvee	1.450.500 (82)	255.000 (21)	939.295 (61)	379.254 (21)
Honden	630 (325)	873 (403)	989 (392)	1.052 (719)
Katten	192 (137)	219 (140)	326 (167)	443 (275)
Konijnen	11 (5)	12 (2)	8 (3)	4 (2)
Cavia's		2 (1)	8 (3)	
Fretten			3 (1)	
Eenden		13 (1)		
Rodentia (voor instellingen)	723 (53)	697 (10)	41 (6)	166 (4)
Insecten	5.484.312.149 (804)	10.094.150.766 (785)	5.158.000.000 (516)	3.660.055.821 (409)
Wild/exoten	146.255 (220)	29.169 (118)	22.071 (110)	14.857 (36)*

* Amfibieën en reptielen 13.142, vogels 1.091, lama's 619, wombat 3 en red panda 2.

Om de kans op insleep en verspreiding van besmettelijke dierziekten in Nederland en de EU te beperken, zijn aan de import van levende dieren en dierlijke producten wetten en regels verbonden. Levende dieren moeten de EU binnenkomen op een door de EU erkende GCP. Dieren voor doorvoer (van een derde land naar een ander derde land) moeten aan de invoereisen van de EU voldoen. De importcriteria zijn gebaseerd op de Europese wetgeving en geïmplementeerd in de Nederlandse regelgeving en instructies. Bij aankomst op de GCP worden de dieren gecontroleerd door een inspecteur-dierenarts van de NVWA. In het themahoofdstuk van de *Staat van Zoönosen* van 2011 vindt u meer informatie over deze procedures.[3] Inspecties vormen geen waterdicht systeem. Er bestaat bijvoorbeeld het risico dat dieren binnenkomen met een infectie die zich nog in de incubatietijd bevindt, waarbij er dus nog geen klinische symptomen aanwezig zijn. Een aantal zoönosen kan worden overgedragen via vectoren die niet in Europa voorkomen of kunnen overleven. Vectoren die met geïmporteerde dieren mee zouden kunnen komen, vormen een potentieel risico voor de introductie van een zoönose. Met het veranderen van het klimaat is het mogelijk dat deze vectoren in de toekomst wel in Europa kunnen overleven en ziekteverwekkers kunnen overdragen.

In 2020 kwamen op Schiphol 20,9 miljoen passagiers uit de hele wereld. Ondanks de coronacrisis werd Nederland vanaf de luchthaven verbonden met 316 bestemmingen wereldwijd. Deze bestemmingen werden echter veel minder frequent aangevlogen dan in voorgaande jaren.[4] Illegale invoer van levende dieren of dierlijke producten via de aankomsthal komt regelmatig voor. Het gaat dan om levende dieren als honden, katten, vogels en reptielen of dierlijke producten, zoals vlees en melk. Maar ook *bush meat* afkomstig van in het wild levende dieren zoals vogels, reptielen en verschillende zoogdieren, verkregen door illegale jacht, wordt aangetroffen. Passagiers uit tropische gebieden van Afrika (voornamelijk West- en Centraal-Afrikaanse landen), Zuid-Amerika en Azië hebben soms de gewoonte om *bush meat* te eten en nemen dat mee voor eigen gebruik of voor de handel. Vaak zijn deze producten onvoldoende thermisch behandeld (gedroogd en gerookt) en soms nog vers. Internationale handel in het vlees van deze dieren is verboden. Deze invoer gebeurt illegaal en brengt gevaar voor de volksgezondheid met zich mee. Er zijn aanwijzingen dat er in sommige delen van Nederland *bush meat* wordt verhandeld en geconsumeerd. Voornamelijk niet-humane primaten, die evolutionair dicht bij de mensen staan, vleermuizen en knaagdieren vormen een groot risico.

2.2 Meldingsplichtige zoönosen

Mauro De Rosa, George Haringhuizen

Meldingsplichtige zoönosen zijn zoönosen waarbij een melding bij wet dient te worden gedaan bij een bevoegde autoriteit. Deze melding moet, afhankelijk van de regelgeving, worden gedaan bij een verdenking of bevestiging van de ziekte en binnen een bepaalde termijn. In Tabel 2.2.1 staat aangegeven welke zoönosen op basis van welke wet meldingsplichtig zijn. Daarnaast wordt aangegeven of de desbetreffende zoönose wordt behandeld in deze *Staat van Zoönosen* en, indien deze niet wordt behandeld, waarom niet.
In het online *Vademecum Zoönosen* is praktische informatie te vinden over tijdige signalering, melding en bestrijding van zoönosen, zowel in de humane als veterinaire gezondheidszorg.[5]

In de veterinaire regelgeving wordt bij de meldingsplichtige ziekten een onderscheid gemaakt tussen meldingsplichtige en bestrijdingsplichtige ziekten. Alleen in het laatste geval mag de bevoegde autoriteit *maatregelen* opleggen. De belangrijkste reden om een ziekte bestrijdingsplichtig te maken, is de noodzaak van bestrijdingsmaatregelen om gezondheidsschade bij mens en dier op korte en/of lange termijn te voorkomen. Daarnaast kunnen internationale verplichtingen aan de bestrijdingsplicht ten grondslag liggen. Artsen zijn, op basis van de *Wpg*, verplicht een aantal infectieziekten bij mensen te melden bij de GGD. Dierenartsen zijn, op basis van de *Gwwd**, verplicht een aantal dierziekten te melden bij de NVWA. Naast artsen en dierenartsen worden, afhankelijk van de wettelijke bepaling, andere betrokkenen (bijvoorbeeld dierhouders en laboratoria) verplicht melding te doen bij een verdenking en/of een bevestiging van daarvoor geselecteerde infectieziekten. Verder moeten bedrijfsartsen, maar ook andere artsen, (infectie) ziekten die opgelopen zijn tijdens het werk melden bij het Nederlands Centrum voor Beroepsziekten (*NCvB*). In principe zijn alle arbeidsgerelateerde zoönosen meldingsplichtig. Naast de meldingsplicht die de Wpg oplegt aan artsen moet onder de Wpg ook het hoofd van een instelling waar kwetsbare groepen mensen verblijven (verzorgingshuis, kinderopvang, enzovoort), een melding bij de GGD doen wanneer zich een ongewoon aantal patiënten voordoet met klachten waarbij een infectieziekte kan worden vermoed (zoals diarree of huiduitslag).

* De Gwwd is per 21 april 2021 komen te vervallen door de inwerkingtreding van de *EU Animal Health Law* (AHL) en de daarop gebaseerde wijziging van de *Wet dieren*. Meer informatie en actuele lijst van de meld- en bestrijdingsplichtige ziekten is te vinden in het online *Vademecum Zoönosen*.[5]

Tabel 2.2.1 Relevante meldingsplichtige zoönosen van dier en mens.

Zoönose	Gwwd*	Wpg	SvZ 2020**
Antrax (miltvuur)	√ [a, b, h]	√	ja
Aviaire influenza	√ [c]	√	ja
Botulisme	-	√	ja
Brucellose	√ [a, b, h]	√	ja
BSE/TSE/(v)CJD	√ [a, b, h]	√	ja, BSE
Kwade droes *(B. mallei)*	√ [b]	-	ja
Campylobacteriose***	√ [d]	√	ja
Echinokokkose	√ [d]	-	ja
Leptospirose	√ [e]	√	ja
Listeriose	√ [d]	√	ja
Mers-CoV (inclusief SARS-CoV-2)	√ [h]	√	Ja, SARS-CoV-2
Methicilline-resistente *Staphylococcus aureus (community cluster)*	-	√	nee, zoönotische overdracht van (vee-gerelateerde-) MRSA is niet meldingsplichtig
Monkey pox (apenpokken)	√ [a]	-	nee, komt niet in Nederland voor
Orthohantavirusinfectie	-	√	ja
Aviaire chlamydiose (psittacose, ornithose)	√ [f]	√	ja
Q-koorts	√ [i]	√	ja
Rabiës	√ [a, b, h]	√	ja
Rift Valley Fever	√ [b]	-	nee, komt niet in Nederland voor
SARS	-	√	nee, komt niet in Nederland voor
Salmonellose***	√ [d, j]	√	ja
SIV *(simian immunodeficiency virusinfecties)*	√ [a]	-	nee, exotische dierziekte
STEC en andere enterohemorragische *E. coli*-infectie	-	√	ja
Toxoplasmose	√ [d]	-	ja
Trichinellose	√ [b]	√	ja
Tuberculose	√ [g]	√	ja
Tularemie	√ [a]	√	ja
Virale haemorrhagische koorts (o.a. Ebolavirus, Marburgvirus)	√ [a]	√	nee, komt niet in Nederland voor
Virale paardenencefalomyelitis (o.a. West Nijlkoorts)	√ [b]	√	nee, komt niet in Nederland voor
Voedselinfectie (cluster)	-	√	ja
Yersiniose	√ [d]	√ [k]	nee, geen gegevens

* De Gwwd is per 21 april 2021 komen te vervallen door de in werktreding van de *EU Animal Health Law* (AHL) en de daarop gebaseerde wijziging van de Wet dieren. Meer informatie en actuele lijst van de meld- en bestrijdingsplichtige ziekten is te vinden In het online *Vademecum Zoönosen*.[5]

** Opgenomen in *Staat van Zoönosen* 2020, H2 Trends.

*** Alleen meldingsplichtig indien het een humaan cluster van twee of meer gerelateerde gevallen betreft met een oorsprong in consumptie van voedsel of drinkwater.

a Meldingsplichtig (bestrijdingsplichtig) dierziekten bij alle zoogdieren niet zijnde vee en nertsen.

b Meldingsplichtig (bestrijdingsplichtig) dierziekten bij vee (herkauwende en eenhoevige dieren en varkens).

c Meldingsplichtig (bestrijdingsplichtig) zijn alle HPAI en H5 en H7 LPAI gerelateerde stammen; alle vogels (pluimvee en andere vogels).

d Meldingsplichtig volgens art. 100 Gwwd: alleen voor dierenartsen en onderzoeksinstellingen; alle diersoorten.

e Leptospirose ten gevolge van *Leptospira* Hardjo; alle diersoorten.

f Meldingsplichtig (bestrijdingsplichtig) bij vogels niet zijnde pluimvee; dit geldt dus alleen voor psittacose en geen andere vorm van chlamydiose bij dieren (zie paragraaf 2.15).

g Tuberculose ten gevolge van *Mycobacterium tuberculosis* complex bij alle zoogdieren.

h Meldingsplichtig (bestrijdingsplichtig) dierziekten bij nertsen.

i Meldingsplichtig (bestrijdingsplichtig) bij meer dan 50 schapen of geiten, gehouden ten behoeve van de bedrijfsmatige melkproductie, op basis van een verplichte tankmelkmonitoring.

j Meldingsplichtig (bestrijdingsplichtig) bij pluimvee: *Salmonella* Arizonae, *Salmonella* Gallinarum en *Salmonella* Pullorum. Naast deze 'niet-zoönotische' Salmonella's zijn er ook nog een aantal 'zoönotische Salmonella's' bij pluimvee meldingsplichtig op basis van EU regelgeving en een verplichte monitoring: *Salmonella* Enteritidis; *Salmonella* Typhimurium, waaronder monofasische *Salmonella* Typhimurium met de antigene formule 1,4,[5],12:i:-; *Salmonella* Hadar; *Salmonella* Infantis; *Salmonella* Virchow, *Salmonella* Java.

k Alleen *Yersinia pestis*.

2.2.1 Regelgeving over de opsporing en bestrijding van de bron van een zoönose

In de Gezondheidswet wordt de organisatie van de zorg voor de volksgezondheid geregeld. Hierin is in artikel 36 opgenomen dat het Staatstoezicht tot taak heeft onderzoek te verrichten naar de staat van de volksgezondheid en de determinanten daarvan.[6]
Voor het humane deel zijn de inspectietaak en de bestrijdingstaak vervolgens gescheiden ondergebracht. De Wpg legt de bestrijdingstaak bij de GGD'en, inclusief het bronopsporingsonderzoek (art. 6 Wpg). Het toezicht wordt uitgeoefend door de Inspectie Gezondheidszorg en Jeugd (IGJ).
In het Besluit Staatstoezicht op de volksgezondheid worden de NVWA en de IGJ aangewezen als onderdelen van het Staatstoezicht. In de Gezondheidswet zijn, onder verwijzing naar de Algemene wet bestuursrecht (Awb), tevens de bevoegdheden van het Staatstoezicht opgenomen (artikelen 5.15 tot en met 5.19).

Dit houdt onder andere in dat de NVWA bronopsporing mag doen na verzoeken van de GGD'en indien mensen ziek zijn geworden na direct of indirect contact met dieren (non-alimentaire zoönosen) of via levensmiddelen, al dan niet van dierlijke oorsprong. Het opleggen van maatregelen als zodanig is vanuit de staatstoezichtsfunctie niet mogelijk, tenzij bij de uitvoering daarvan bevindingen worden gedaan die onder de invloedsfeer van de Warenwet of de Wet dieren[1] vallen. Een voorbeeld is dat de NVWA maatregelen mag opleggen bij een positieve *C. psittaci*-bevinding in vogels naar aanleiding van bronopsporing. Dit geldt echter bijvoorbeeld niet voor gehouden ratten die positief zijn bevonden op het Seoul-virus. In zulke gevallen kan wel artikel 47 van de Wpg van toepassing zijn.

Bij de totstandkoming van de Wpg is ervoor gekozen om maatregelen ten aanzien van dieren daar niet onder te laten vallen, maar deze voor te behouden aan de uitvoerder van de Wet dieren[1], de NVWA.

De uitzondering daarop vormen 'vectoren'. Deze zijn door de minister gedefinieerd als '*... elk dier dat een infectieus agens kan doorgeven aan een mens*'. Zoals boven al aangegeven zijn, vanwege het preventieve belang voor de humane gezondheid, in de afgelopen periode twee artikelen (6a en 47a) toegevoegd aan de Wet publieke gezondheid die uitsluitend betrekking hebben op monitoring en bestrijding van vectoren. Deze artikelen maken de minister van Volksgezondheid bevoegd om te controleren op bij *algemene maatregel van bestuur* (AMvB) aangewezen vectoren en preventieve voorschriften op te leggen of tot vernietiging van vectoren over te gaan. In de meeste gevallen zal voor de uitvoering bijstand gevraagd worden van de NVWA.

Artikel 47 van de Wpg (opsporen en optreden bij besmette goederen, waren, verkeersmiddelen, enzovoort) fungeert ten aanzien van zoönosen als vangnet, namelijk als noodzakelijke maatregelen niet of niet afdoende op grond van de Wet dieren kunnen worden getroffen. Artikel 47 van de Wpg geeft ruime mogelijkheden om besmettelijke materialen te beheersen of te vernietigen. In het geval van de Seoul-besmetting mogen de ratten in principe op grond van de Wpg door de GGD bestreden worden, wanneer de burgemeester als bevoegd gezag daartoe heeft besloten.

Bestrijden kan variëren van uitvoeren van bronopsporing, risicocommunicatie en/of behandelen tot aan ruimen/euthanasie. Wanneer gebruikgemaakt moet worden van de vangnetfunctie in de Wpg, verzoekt in de meeste gevallen de GGD de NVWA om de feitelijke bestrijding uit te voeren, vanwege de bij de NVWA aanwezige kennis en expertise.

Wanneer de hygiënevoorschriften of andere opgelegde maatregelen niet opgevolgd worden, dan kan de IGJ op grond van artikel 67 eerste lid Wpg hechtenis opleggen van ten hoogste zes maanden of een geldboete van de derde categorie.

Het is de arts-infectieziektebestrijding (en niet de GGD-directie of -manager) die beoordeelt of er 'een ernstig gevaar' dreigt voor de volksgezondheid. Bij complexe gevallen zoals de bevinding van Seoul-virus in gehouden ratten, waarbij de enige effectieve optie lijkt het vernietigen van de vectoren, is een goede onderbouwing belangrijk.

2.3 Dierziekte-vrij status

Mauro De Rosa

Voor een aantal besmettelijke dierziekten kunnen landen die lid zijn van de wereldorganisatie voor diergezondheid (OIE) een officiële vrij-status notificeren. De voorwaarden waaronder een land de OIE-officiële vrij-status voor een bepaalde ziekte kan verkrijgen variëren, maar meestal zijn dat minimaal een nationaal opererend effectief surveillancesysteem, een door de OIE geaccepteerd epidemiologisch rapport en een meldingsplicht voor de desbetreffende ziekte. De gedetailleerde voorwaarden en de dierziektestatus kunnen per OIE-lidstaat in de database van de OIE (WAHIS) geraadpleegd worden.[7]

De systematiek van 'officieel vrij-status' is in eerste instantie ingesteld om de internationale handel in levende dieren en dierlijke (levende) (bij)producten te borgen en te bevorderen. Het kan voorkomen dat er dierziektegevallen zijn geweest, maar dat het land nog de 'OIE-officieel vrij-status' behoudt. Bijvoorbeeld als die gevallen veroorzaakt werden door de invoer van besmette dieren uit een ander land en er geen of beperkt verdere verspreiding heeft plaatsgevonden. Hieronder staat de OIE-status voor Nederland in 2020 voor wat betreft de relevante zoönosen.

Aanwezige zoönosen:
- Aviaire chlamydiose (*Chlamydia psittaci*);
- Echinokokkose (*Echinococcus multilocularis*);
- Hoog Pathogene Aviaire Influenza (HPAI)*;
- Laag Pathogene Aviaire Influenza (pluimvee) (LPAI);
- Enzootic abortion/chlamydiose (*Chlamydia abortus*)**;
- Q-koorts (*Coxiella burnetii*);
- Trichinellose (wild)**;
- Tularemia (*Francisella tularensis*).

* gelimiteerd tot één of meer zones
** gevonden in wilde dieren (vos, wilde zwijn en wasbeerhond) in voorgaande jaren

Nooit gerapporteerde zoönosen:
- Brucellose (*Brucella melitensis*);
- Krim-Congo hemorragische koorts;
- Equine encefalomyelitis (Westerse);
- Equine encefalomyelitis (Oosterse);
- Japanse encefalitis;
- Nipah-virus encefalitis;
- Ovine epididymitis (*Brucella ovis*);
- Riftdal-koorts;
- Salmonellose (S. Abortusovis);
- Trypanosomose (onder andere Chagas);
- Venezuelaanse equine encefalomyelitis;
- West Nijlkoorts.

Afwezige zoönosen:
- Antrax/miltvuur (*Bacillus anthracis*);
- Bovine spongiforme encefalopathie (BSE);
- Bovine tuberculose (*Mycobacterium bovis*);
- Brucellose (*Brucella abortus*);
- Brucellose (*Brucella suis*) bij varkens en vee;
- Echinokokkose door *Echinococcus granulosus*;
- Kwade droes (*Burkholderia mallei*);
- Leishmaniasis;
- Porcine cysticercose (*Taenia solium* bij de mens);
- Rabiës#.

Het voorkomen van vleermuisrabiës (EBLV) heeft geen invloed op de OIE-vrij-status.

2.4 Antrax

Marloes Heijne, Marcel Spierenburg, Ingrid Friesema

Antrax, veroorzaakt door de bacterie *Bacillus anthracis*, komt wereldwijd voor. Hoewel in principe alle zoogdieren besmet kunnen worden, is het vooral een (per)acute, vaak fatale infectieziekte bij wilde en gedomesticeerde herkauwers. Een belangrijke eigenschap van deze bacterie is de vorming van sporen die uitzonderlijk resistent zijn tegen hitte en indroging en daardoor decennialang in de bodem kunnen overleven. Bij opname door een gastheer zullen de sporen ontkiemen, zich vermenigvuldigen en daarbij toxinen vormen met oedeemvorming, necrose van endotheelcellen en bloedingen tot gevolg. De cutane vorm, waarbij besmetting via de huid heeft plaatsgevonden, komt bij mensen het meest voor. Er ontstaat dan een pijnloos, jeukend bultje, dat na een paar dagen overgaat in een blaartje. Daarna ontstaat een zweer die is bedekt met een zwarte korst, met eromheen zwelling en blaasjes. Op de plek van de zweer blijft een permanent litteken achter. Onbehandeld kan de ziekte in 10 tot 20% van de gevallen fataal zijn. Na inhalatie van aerosolen kan respiratoire antrax ontstaan en na ingestie van met *B. anthracis* besmet voedsel gastro-intestinale antrax. Beide vormen hebben een hogere *case fatality rate* dan cutane antrax.[9]

De naam antrax is afgeleid van de antracietkleurige zweer ter plaatse van de *porte d'entrée* bij de cutane vorm van antrax bij mensen. Het synoniem miltvuur is afgeleid van de zeer sterk vergrote milt die veel gezien wordt bij geïnfecteerde runderen en schapen, maar die ook bij humane patiënten kan optreden.

2.4.1 Antrax bij mensen

Miltvuur is conform de Wpg een meldingsplichtige ziekte groep C. Het staat hoog op de lijst van potentiële biologische wapens, ondanks het feit dat mensen relatief ongevoelig zijn voor miltvuur. Dit heeft te maken met de grote hoeveelheid infectieus materiaal waaraan mensen bij moedwillige besmetting kunnen worden blootgesteld. De poederbrieven die in 2001 in de Verenigde Staten zijn verstuurd laten dit zien. De miltvuursporen die bij het openmaken vrijkwamen, leidden tot 22 besmettingen en eisten uiteindelijk vijf slachtoffers.[10] Het ging hier ook om *weaponized* materiaal; door het toevoegen van een statische lading gedroegen antraxsporen zich als een aerosol, waardoor de verspreiding gemakkelijk verliep. Ook in Nederland zijn sindsdien poederbrieven verzonden die door het RIVM op miltvuurbacteriën worden onderzocht. In Nederland is overigens nooit *B. anthracis* in de poederbrieven aangetroffen.

In Europa is de incidentie van miltvuur bij mensen in de loop van de twintigste eeuw drastisch gedaald. Tegenwoordig komt het slechts sporadisch voor en treft dan meestal boeren of medewerkers in textiel- of wolfabrieken, die in contact komen met besmette dieren of dierproducten. In Nederland is miltvuur bij mensen uiterst zeldzaam. In totaal zijn sinds 1976 (het jaar waarin de ziekte meldingsplichtig is gemaakt) negen gevallen van humane antrax beschreven, waarvan twee in 2018 met huidantrax opgelopen in Tanzania en Turkije. In 2020 zijn er geen nieuwe patiënten gemeld.

2.4.2 Antrax bij dieren

De laatste Nederlandse uitbraken van antrax bij rundvee dateren uit de beginjaren negentig van de vorige eeuw. Echter, in Zuid- en Zuidoost-Europa komt miltvuur bij dieren nog steeds regelmatig voor. In de overige Europese landen komt de ziekte slechts sporadisch voor. In 2020 werd bij de OIE en EU ADNS melding gemaakt van miltvuur in onder andere Kroatië (rundvee en een paard), Italië (rundvee en een geit) en Roemenië (rundvee).[8,11] Gevallen bij vee betreffen vrijwel altijd weidende dieren die in gebieden met een geschiedenis van miltvuur sporen via grazen opnemen.

In Nederland werden in het verleden dieren die gestorven waren door miltvuur, bij het begraven bestrooid met ongebluste kalk, in een poging de kiem onschadelijk te maken. Dergelijke 'witte kuilen' kunnen nog steeds worden aangetroffen bij graafwerkzaamheden. Bij verdenkingen van miltvuur bij dieren of bij het aantreffen van witte kuilen wordt materiaal door WBVR onderzocht op de aanwezigheid van *B. anthracis*-sporen. In 2020 is vijfmaal een inzending ontvangen van een witte kuil. In geen van de gevallen werd hierin *B. anthracis* aangetoond.

2.5 Aviaire Influenza

Riks Maas, Adam Meijer, Marit de Lange, Harry Rozendaal, Nancy Beerens

2.5.1 Aviaire influenza bij dieren (vogels)

In de verplichte monitoring en *early warning*[12] van aviaire influenza (vogelgriep) bij commercieel gehouden pluimvee worden regelmatig laag-pathogene aviaire influenza (LPAI-)virussen gevonden of antilichamen tegen deze virussen. LPAI-virussen komen van nature voor in wilde watervogels, en kunnen door deze vogels op gehouden pluimvee worden overgebracht.[13] Voor pluimvee met uitloop geldt dan ook een hoger risico en daardoor een hogere monitoringsfrequentie. LPAI-virussen kunnen door middel van moleculaire technieken of bioassays van HPAI-virussen worden onderscheiden. Het onderscheid tussen hoog-pathogene en laag-pathogene aviaire influenza is gebaseerd op het klinisch beeld bij pluimvee. Zoals de naam suggereert, zijn klinische symptomen bij infecties met LPAI-virussen bij pluimvee doorgaans mild. De LPAI-virussen met hemagglutinine typen H5 en H7 kunnen echter naar hoog-pathogene varianten muteren. HPAI-virussen kunnen ernstige ziekte en tot 100% mortaliteit veroorzaken in een koppel pluimvee. In 2020 waren zowel LPAI- als HPAI-virussen van subtype H5 en H7 bestrijdingsplichtig bij commerciële pluimveebedrijven (zie paragraaf 2.2). Met invoering van de *Animal Health Law* per 21 april 2021 zal dit veranderen. LPAI-virussen zijn dan nog wel aangifteplichtig, maar niet meer bestrijdingsplichtig. Bedrijven besmet met LPAI H5/H7-virussen hoeven dan niet meer verplicht geruimd te worden, maar er kan besloten worden om het pluimvee te laten 'uitzieken'. Het pluimvee op bedrijven waar een HPAI-besmetting wordt aangetoond, wordt wel altijd geruimd. De overige maatregelen komen in hoofdlijnen overeen, voor een besmet bedrijf gelden vervoersbeperkingen en de pluimveecontacten van het bedrijf worden getraceerd en onderzocht. Daarnaast zullen de andere pluimveebedrijven in een straal van één tot drie kilometer om het besmette bedrijf eveneens worden onderzocht. Bij besmettingen met andere LPAI-virussen dan subtype H5 en H7 worden door de NVWA geen maatregelen genomen. Infecties met deze virussen worden door de besmette pluimveestapel in de regel binnen enkele weken geklaard. In 2020 werden op 34 pluimveebedrijven antistoffen aangetoond tegen verschillende subtypen LPAI-virussen. Er werden voornamelijk H6-virussen gedetecteerd (21x), van subtypen H6N1, H6N2 en H6N8. Ook werden er drie introducties met H5-subtypen (H5N1 en H5N2) aangetoond. Er werd in 2020 op één bedrijf een LPAI H5N2-virus aangetoond op een leghennenbedrijf in Den Bommel; dit bedrijf werd geruimd.

In oktober 2020 werd HPAI H5N8-virus aangetoond in twee dode wilde zwanen. Dit bleek het begin van een grote epidemie onder wilde vogels, waarbij veel sterfte werd gezien onder met name ganzen en zwanen. Kort nadat het HPAI H5N8-virus werd aangetoond in wilde vogels, werd een ophokplicht ingesteld voor pluimvee. Dit heeft niet kunnen voorkomen dat er negen commerciële pluimveebedrijven en verschillende hobbybedrijven besmet zijn geraakt. Alle commerciële bedrijven werden geruimd, en de omliggende pluimveebedrijven waren negatief in de screening voor het HPAI-virus. De volledige genoomsequenties van de virussen gevonden in de dode wilde zwanen en op de pluimveebedrijven werden bepaald.

Fylogenetische analyse heeft laten zien dat het huidige HPAI H5N8-virus verwant is aan virussen die aan het eind van de zomer in Zuid-Rusland en Kazachstan werden aangetoond. Het H5N8-virus is ook verwant aan het virus dat de epidemie in 2016-2017 veroorzaakte, en behoort tot HPAI H5-clade 2.3.4.4b. Naast HPAI H5N8-virussen, werden er ook HPAI H5N1- en H5N5-virussen gedetecteerd in Nederland. Genetische en fylogenetische analyse heeft aangetoond dat deze virussen zijn ontstaan door *reassortment* van het HPAI H5N8-virus met LPAI-wilde-vogel-virussen. Het HPAI H5N1-virus in Nederland is dan ook niet verwant aan de zoönotische stammen in Azië. Genetische analyse heeft aangetoond dat er mogelijk transmissie heeft plaatsgevonden tussen de pluimveebedrijven in Altforst en Puiflijk, terwijl de andere bedrijven besmet zijn geraakt door aparte introducties vanuit wilde vogels.

Van bepaalde HPAI-virussen is bekend dat ze mensen kunnen infecteren met ernstige ziekte of sterfte tot gevolg. Sinds 2004 circuleren HPAI H5-virussen in wilde watervogels in Azië, en het HPAI H5N1-virus werd eind 2005 voor het eerst door trekvogels geïntroduceerd in Europa. De epidemie onder wilde watervogels heeft zich sindsdien sterk uitgebreid, en er zijn inmiddels vele subtypen ontstaan vanuit dit HPAI H5N1-virus via *reassortment*, zoals H5N2, H5N3, H5N5, H5N6 en H5N8. In Nederland werd de pluimveesector in 2014, 2016, 2017 en 2020 getroffen door uitbraken van HPAI H5-virussen. In 2014 betrof het subtype H5N8, en in 2016 een genetisch verschillend H5N8-virus, in 2017 subtype H5N6 en in 2020 weer H5N8 en een enkele uitbraak met H5N1. Die H5N1 draagt H5, vergelijkbaar met dat van H5N8 en het virus is niet gelijk aan het HPAI H5N1 in Azië, dat mensen infecteert. Deze HPAI-virussen werden in het najaar in Nederland geïntroduceerd door wilde trekvogels die de winter doorbrengen in ons land. Door deze nieuwe situatie, waarin HPAI H5-virussen in de wilde-vogelpopulatie circuleren, is het risico op introductie van HPAI-virussen de afgelopen jaren sterk toegenomen.

2.5.2 Aviaire influenza bij mensen

In de periode 2003-2020 waren er 862 bevestigde gevallen van HPAI H5N1 in mensen, waarvan er 455 overleden. In 2003 was er een grote uitbraak van HPAI H7N7 in Nederland, waarbij minstens 89 mensen geïnfecteerd raakten en er één overleed aan de infectie. Ook bepaalde LPAI-virussen kunnen mensen infecteren, bijvoorbeeld H7N1, H7N2, H7N9, H9N2 en H10N7. Uit verkennend literatuuronderzoek uitgevoerd in 2012 blijkt dat de ziektelast van LPAI-virussen bij mensen in het algemeen zeer beperkt is[14], wat bevestigd is in een latere studie.[15] Uitzondering hierop is het LPAI H7N9-virus, dat sinds 2013 in China circuleert en sterfte veroorzaakt in ongeveer 30% van de geïnfecteerde mensen. Van oktober 2016 tot en met juni 2017 was er een toename van het aantal humane besmettingen met LPAI H7N9. De meeste humane gevallen werden veroorzaakt door direct contact met besmet pluimvee; er zijn geen aanwijzingen dat het transmissievermogen van het virus tussen mensen toeneemt. Sinds juli 2017 wordt pluimvee in China gevaccineerd tegen het H7N9-virus.[16] Na juni 2017 is het aantal humane besmettingen sporadisch in China en is er geen sprake van een nieuwe epidemie.[17] In 2020 werd geen humane infectie aangetoond. Uit het LPAI H7N9-virus is door mutatie een HPAI H7N9-virus ontstaan. In december 2016 werd de eerste humane besmetting met HPAI H7N9 beschreven in China. Sindsdien is bij 32 mensen een HPAI H7N9-virus aangetoond.[16] Er zijn geen aanwijzingen dat het voor pluimvee hoog-pathogene virus een hogere pathogeniciteit of transmissiecapaciteit in mensen heeft.[18] Er is een humane infectie met LPAI H6N1 gerapporteerd in Taiwan in 2013. Genetische analyse heeft aangetoond dat de H6-virussen die in 2019 in Nederland circuleerden niet verwant zijn aan dit humane Aziatische virus. Daarnaast zijn er in de periode 2014-2020 29 bevestigde gevallen van H5N6 (vooral LPAI en enkele HPAI) vanuit China gerapporteerd aan de WHO. Als laatste zijn er in 2020 veertien humane infecties met LPAI H9N2 vanuit China gemeld aan de WHO.

In het griepseizoen is er een (zeer kleine) kans op menginfecties van het humane seizoensgriepvirus en AI-virussen, met als mogelijke uitkomst het ontstaan van nieuwe varianten door *reassortment* van genetisch materiaal. Bij *reassortment* vormen twee of meer influenzavirussen een nieuw subtype virus, waarbij een nieuwe combinatie van viruseiwitten wordt aangemaakt. Als dit een dusdanig nieuw type is waartegen nog geen (populatie-)immuniteit bestaat, is er kans op een pandemie. Bij influenzavirussen treedt relatief gemakkelijk *reassortment* op, omdat het genetisch materiaal bestaat uit acht losse RNA-strengen. Omdat LPAI-virussen tot milde klachten kunnen leiden, adviseert het RIVM-CIb personen die in aanraking zijn geweest met besmet pluimvee(materiaal) alert te zijn op griepachtige verschijnselen.[19] De GGD monitort het optreden van eventuele gezondheidsklachten en zet indien nodig diagnostiek in. Bij een vastgestelde HPAI of een sterke verdenking op HPAI op een pluimveebedrijf wordt *oseltamivir*-profylaxe aangeboden aan werknemers en ruimers. Los van een uitbraak worden alle mensen die mogelijk beroepsmatig bij het ruimen van pluimvee betrokken zullen zijn, jaarlijks gevaccineerd met het influenza-seizoensvaccin. Alleen mensen die gevaccineerd zijn, mogen pluimvee ruimen in geval van een influenzabesmetting. Deze regeling is ingesteld om de kans op *reassortment* te

beperken, doordat gevaccineerde personen minder risico lopen om geïnfecteerd te worden met het influenza-seizoensvirus. Ruimers moeten zich houden aan strikte protocollen die een uitgebreid pakket aan hygiënemaatregelen en instructies voor persoonlijke beschermingsmiddelen (onder andere een masker, bril, haarnetje, wegwerpoverall, wegwerphandschoenen en werkhandschoenen) omvatten.[20] Dit om humane besmetting en mogelijke versleping van virus via kleding te voorkomen.

In Nederland zijn in 2020 twee pluimveehouders met luchtwegklachten bemonsterd vanwege mogelijke besmetting met het aviaire influenzavirus tijdens een HPAI H5N8-uitbraak. In de afgenomen monsters werd geen influenzavirus gedetecteerd.

2.6 Botulisme

Ingrid Friesema, Miriam Koene

Botulisme is een intoxicatie veroorzaakt door botulinum-neurotoxines (BoNT), geproduceerd door *Clostridium botulinum* of in sporadische gevallen door bepaalde stammen van *C. butyricum* of *C. baratii*. De sporen van deze bacteriën komen voor in de omgeving en kunnen onder de juiste condities (onder andere anaeroob milieu, voldoende hoge temperatuur en eiwitrijk substraat) uitgroeien tot BoNT-producerende bacteriën. BoNT wordt beschouwd als het meest potente, natuurlijk voorkomende toxine, waarvan zeven verschillende typen zijn beschreven (A t/m G). De mens is gevoelig voor BoNT-typen A, B en E (en zeer zelden type F). Bij zoogdieren wordt meestal BoNT-type C of D gevonden of *mosaïc*-varianten daarvan, en bij vissen BoNT-type E.

2.6.1 Botulisme bij de mens

Meestal betreft botulisme bij mensen een voedselvergiftiging waarbij neurotoxines zijn gevormd in slecht geconserveerde levensmiddelen (bekend zijn zelf ingemaakte producten). Andere vormen van botulisme zijn wondbotulisme en infantiel botulisme. De laatstgenoemde vorm komt voor bij zuigelingen, waarbij uitgroei mogelijk is van sporen van *C. botulinum* in de darm door onvoldoende ontwikkeling van competitieve darmflora. Aangezien honing bacteriesporen kan bevatten van *C. botulinum*, wordt afgeraden honing te geven aan kinderen jonger dan een jaar.[21]

In Nederland komt botulisme bij mensen slechts zeer incidenteel voor. In de periode 2007-2020 is in totaal bij tien patiënten de diagnose bevestigd door middel van laboratoriumdiagnostiek. Dit betrof een uitbraak van botulisme type B in een reisgezelschap (2008)[22,23], drie individuele gevallen bij volwassenen (eenmaal in 2015 en twee in 2016)[24] en drie gevallen van infantiel botulisme (eenmaal in 2007 en twee in 2012).
In 2020 zijn er geen gevallen van botulisme in Nederland gemeld. Door WBVR is materiaal onderzocht van drie patiënten, ter uitsluiting van botulisme. In geen van de materialen werd de bacterie en/of botulinum-neurotoxine aangetoond.

2.6.2 Botulisme bij dieren

Botulisme is vooral bekend van uitbraken bij watervogels. *C. botulinum* komt algemeen in Nederland voor in (water)bodems en daarmee ook in het darmkanaal van vissen en (water)vogels, overigens zonder dat dat hoeft te leiden tot ziekteverschijnselen, omdat in een gezonde darmflora de bacterie niet in staat is om uit te groeien en daarbij toxines te produceren. Anders wordt dit als het dier sterft; een kadaver van een watervogel of vis, die om wat voor reden dan ook is doodgegaan, is met zijn eiwitrijke en zuurstofarme omstandigheden een ideale omgeving voor de groei van Clostridium-sporen. In combinatie met hoge omgevingstemperaturen (boven de 20°C) kan de vermenigvuldiging en daarmee de toxineproductie van *C. botulinum* enorm toenemen. Dergelijke kadavers kunnen zeer grote hoeveelheden toxinen bevatten en op die manier een bron van besmetting vormen voor de directe omgeving. Maar mogelijk nog belangrijker is de besmettingsroute via de karkas-maden-cyclus. Insectenlarven of andere ongewervelden die op een besmet kadaver parasiteren, kunnen hoge concentraties toxine opnemen zonder dat ze daar zelf last van hebben. Wanneer deze maden vervolgens door vogels of vissen worden gegeten, zullen die aan botulisme sterven, waarmee een zichzelf versterkend mechanisme op gang is gekomen, wat kan leiden tot massale sterfte onder watervogels.

In de zomer van 2020 was door de langdurig aanhoudende hoge omgevingstemperaturen sprake van veel verdenkingen van botulisme in wilde fauna (watervogels en vissen). Zo nam het aantal meldingen bij DWHC van dode eenden en andere watervogels eind juli aanzienlijk toe. Hoewel dit bij WBVR niet leidde tot een meer dan gemiddeld aantal ingestuurde dieren, en de resultaten van de laboratoriumdiagnostiek vergelijkbaar waren met die van afgelopen jaren (van de 35 ingestuurde dieren werd in bijna de helft botulinumtoxine aangetoond, in vrijwel alle gevallen betrof dit BoNT/C), leverde het wel veel vragen op van mensen over eventuele risico's van dode watervogels voor voorbijgangers en hun honden of voor andere dieren. Hoewel honden vrij ongevoelig zijn voor botulisme, zijn wel gevallen bekend van verlammingsverschijnselen

na contact met een (vogel)kadaver, mogelijk door de zeer hoge concentraties toxines die daarin aanwezig kunnen zijn. Voor mensen wordt het risico op botulisme door contact met watervogels zeer klein geacht, aangezien de mens ongevoelig is voor BoNT/C via ingestie (mogelijk wel bij inhalatie of wondbotulisme). Daarbij geldt natuurlijk dat bij aanhoudende hete periodes sprake kan zijn van slechte waterkwaliteit door andere oorzaken (zoals bijvoorbeeld zuurstofgebrek of blauwalg), wat gevolgen kan hebben voor de gezondheid van dieren die hiervan drinken of hierin zwemmen.

Gedurende het jaar werd ook weer regelmatig botulismediagnostiek aangevraagd bij WBVR voor andere (huis)dieren. De meeste gevallen betroffen verdenkingen van botulisme bij rundvee (24) en pluimvee (13), waarbij het in de meeste van de bevestigde gevallen ging om botulisme type C; bij rundvee werd ook type D gevonden. Daarnaast is materiaal onderzocht afkomstig van paarden (4), honden (3) en eenmaal van schapen. In geen van deze gevallen kon met laboratoriumdiagnostiek de diagnose botulisme worden bevestigd.

Van de door WBVR geteste monsters bestaat het merendeel uit (materiaal voor) diervoeders bestemd voor nertsen, landbouwhuisdieren en gezelschapsdieren. Deze monsters worden getest uit kwaliteitsoogpunt (uitsluiten van aanwezigheid van *C. botulinum*-sporen of botulinum-neurotoxines) of in het kader van bronopsporing in geval van een uitbraak. Incidenteel worden daarbij in slachtafval van pluimvee (gebruikt als grondstof voor nertsenvoer) sporen van *C. botulinum* type C aangetoond. In 2020 werden in geen van de overige monstermaterialen *C. botulinum* of botulinum-neurotoxines aangetroffen.

2.7 Brucellose

Lola Tulen, Marcel Spierenburg, Vanessa Visser, Harry Rozendaal

Brucellose komt wereldwijd voor; slechts enkele landen hebben brucellose in de landbouwhuisdierenpopulatie effectief bestreden. Nederland is volgens de OIE en andere officiële instanties sinds 1999 officieel vrij van brucellose. Brucellose wordt veroorzaakt door een bacterie van het geslacht *Brucella*. *Brucella abortus* veroorzaakt brucellose bij herkauwers, voornamelijk runderen, en wordt ook wel Abortus Bang genoemd. *B. melitensis* en *B. ovis* veroorzaken brucellose bij geiten en schapen, terwijl *Brucella suis* en *Brucella canis* brucellose veroorzaken bij respectievelijk varkens en honden. Brucellose bij dieren leidt voornamelijk tot reproductiestoornissen en abortus. Bij varkens wordt ook artritis gezien en bij paarden kan brucellose tot een heel ander ziektebeeld leiden (fistels en builen aan nek en schoft). *Brucella*-soorten zijn echter niet strikt soort-specifiek. Mensen zijn gevoelig voor met name *B. melitensis*, *B. abortus*, *B. suis* biovars 1 en 3, *B. canis* en in mindere mate voor *B. pinnipedialis* en *B. ceti*. Besmette dieren scheiden de bacterie uit in melk, urine, ontlasting, sperma, vaginale excreta en placenta-materiaal. Infecties bij mensen kunnen subklinisch, acuut of chronisch verlopen. Verschijnselen zijn koorts, hoofdpijn, malaise, moeheid, zweten en gewrichts-klachten (vooral door sacro-iliitis en spondylitis). Bij chronische brucellose treden daarnaast gebrek aan eetlust en gewichtsverlies op. Complicaties die kunnen optreden zijn endocarditis, nefritis, meningo-encefalitis, osteomyelitis en orchitis.[25]
In 2020 registreerde de NVWA in totaal 105 meldingen van verdenking van brucellose bij landbouwdieren (Tabel 2.7.1) en zes besmettingen met *B. canis* (positieve kweek) bij honden (Tabel 2.7.2).

Tabel 2.7.1 Aantal bedrijven met verdenkingen van brucellose (aantal positief) (Bron: NVWA).

	2016	2017	2018	2019	2020
B. abortus	47 (0)	49 (0)	39 (0)	35 (0)	51(0)
B. suis	75 (0)	81 (0)	54 (0)	62 (0)	34 (0)
B. melitensis	5 (0)	41 (0)	40 (0)	24 (0)	20 (0)
B. ovis	3 (0)	4 (0)	3 (0)	3 (0)	0 (0)
Totaal	**130**	**175**	**157**	**124**	**105**

Tabel 2.7.2 Aantal honden met *Brucella* antistoffen (aantal kweek positief) (Bron: WBVR).

	2016	2017	2018	2019	2020
B. canis	4 (2)	13 (6)	4 (3)	3 (2)	10 (6)
B. suis biovar 1	1	0	0	0	0

2.7.1 Brucellose bij dieren

2.7.1.1 *Runderen*

Sinds 1997 zijn er geen besmette runderen in Nederland gevonden en vanaf 1 augustus 1999 is Nederland officieel vrij van bovine brucellose. Ter bewaking van de vrij-status wordt een aantal controles uitgevoerd. Alle runderen aangeboden ter slachting worden individueel voor en na de slacht gecontroleerd. Tevens zijn veehouders verplicht bloedonderzoek te laten uitvoeren door de GD bij elk rund dat verwerpt tussen dag 100 en 260 van de dracht. Dierenartsen, veehouders en laboratoria moeten een (klinische) verdenking verplicht melden aan de NVWA, die vervolgens de dieren onderzoekt. Runderen die aangeboden worden voor de export of worden ingezet voor reproductie worden vaak ook klinisch en serologisch onderzocht op brucellose. In 2020 zijn 51 verdenkingsmeldingen (alle B. abortus) bij rundvee afgehandeld. Alle meldingen waren negatief.

2.7.1.2 *Schapen en geiten*

Brucellose bij schapen of geiten is in Nederland nog nooit vastgesteld. Ter bewaking van de vrij-status wordt er een aantal controles uitgevoerd die vergelijkbaar zijn met die van bovine brucellose. De controles bij schapen en geiten zijn echter minder uitgebreid dan bij runderen. In 2020 werden twintig verdenkingen van *B. melitensis* en geen verdenkingen van *B. ovis* bij schapen en geiten afgehandeld. Ook bij deze meldingen werd bij nader onderzoek geen brucellose vastgesteld.

2.7.1.3 *Varkens*

Ter bewaking van de vrij-status vindt er ook bij varkens een monitoring plaats. In het kader van monitoring bij varkens die door de GD worden uitgevoerd, worden de positieve initiële uitslagen bij de NVWA gemeld. Deze *B. suis*-meldingen worden voornamelijk gedaan door Kunstmatige Inseminatie (KI)-varkensverenigingen en varkensfokkers. De inzet van reproductiemateriaal wordt standaard onderzocht en moet vrij zijn van brucellose voordat de dieren worden ingezet voor reproductie. Beren worden gescreend voor spermawinning, zeugen wanneer er afwijkingen zijn bij de geboorte (verwerpers). Bij een verdenking wordt eerst een confirmatie van de bloedmonsters uitgevoerd door WBVR. Als deze ook verdacht is, wordt door de NVWA nogmaals bloed afgenomen van het desbetreffende dier en (eventueel) koppelgenoten. In 2020 waren er in totaal 34 *B. suis*-meldingen, maar werd bij nader onderzoek de bacterie niet aangetroffen.

2.7.1.4 *Honden*

In 2020 zijn er achttien verdenkingen van *Brucella canis* gemeld; van deze meldingen zijn er zes positief getest in de kweek. De honden die serologisch of met kweek positief reageerden, waren allemaal afkomstig uit Oost-Europa, te weten Rusland, Wit-Rusland, Roemenië, Bulgarije en Servië. Veel honden hadden dusdanige klinische verschijnselen dat ze na de diagnose snel werden geëuthanaseerd. Steeds meer honden worden aangekocht uit risicolanden om mee te fokken, wat een groter risico geeft op transmissie.

2.7.2 Brucellose bij de mens

Humane besmetting vindt voornamelijk plaats door contact met besmette dieren, het drinken van rauwe melk of andere ongepasteuriseerde zuivelproducten. In Nederland worden sporadisch gevallen van menselijke besmettingen met *Brucella* gemeld, meestal na bezoek aan het buitenland of door consumptie van rauwmelkse zuivelproducten afkomstig uit het buitenland. In totaal zijn drie patiënten (twee vrouwen van 45 en 61 jaar oud en één man van 60 jaar oud) met brucellose gemeld in Osiris, met een eerste ziektedag in 2020. Twee van de patiënten waren opgenomen in het ziekenhuis. Het betrof bij één patiënt een infectie met *B. melitensis* en bij de andere twee patiënten was de *Brucella*-soort onbekend. Twee patiënten hadden de infectie opgelopen in Turkije. Eén van hen had de infectie opgelopen via consumptie van rauwmelkse kaas, bij de andere patiënt was de bron van besmetting onduidelijk. Bij één patiënt was Nederland het meest waarschijnlijke land van besmetting; de infectie was mogelijk opgelopen via de consumptie van rauwmelkse kaas.

Tabel 2.7.3 Aantal gemelde humane patiënten geïnfecteerd met *Brucella* spp. (Bron: Osiris).

Jaar	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020
Aantal meldingen	2	9	4	2	5	7	3
Opgelopen in Turkije/Irak	2/0	2/2	1/0	0/0	1/1	0/2	2/0

2.8 BSE

Lucien van Keulen

BSE (bovine spongiforme encefalopathie) is een infectieziekte die voorkomt bij rundvee en behoort tot de groep van 'overdraagbare spongiforme encefalopathieën' (Engels: *transmissible spongiform encephalopathies*, TSE's) of prionziekten. De encefalopathie wordt veroorzaakt door afwijkend gevouwen prionen, waardoor microscopisch kleine gaten in de hersenen ontstaan (spongiform).[26] Spongiforme encefalopathieën kennen over het algemeen een (zeer) lange incubatietijd. Het is zo goed als zeker dat er een verband bestaat tussen BSE en het ontstaan van een variant van de ziekte van Creutzfeldt-Jakob (vCJD) bij de mens. Variant CJD werd voor het eerst beschreven in 1996 in Groot-Brittannië.[27]

Wereldwijd zijn er 231 (tot en met maart 2020) mensen overleden aan vCJD, waarvan 178 tijdens een grote epidemie in 1995-2016 in het Verenigd Koninkrijk en 27 in Frankrijk.[28] In 2016 is tot nu toe het laatste geval van vCJD gemeld in het Verenigd Koninkrijk.[29] In Nederland zijn drie mensen overleden ten gevolge van vCJD; het laatste geval dateert van 2008. Door import van besmette koeien en besmet diermeel is BSE waarschijnlijk al aan het eind van de jaren tachtig in Nederland geïntroduceerd.

BSE is in Nederland een meldingsplichtige ziekte sinds 29 juli 1990 (zie paragraaf 2.2). Dierenartsen en veehouders zijn verplicht om dieren met verschijnselen van BSE te melden aan de NVWA. Deze meldingsplicht is de pijler van het zogenoemde passieve surveillancesysteem. Daarnaast kunnen dieren met verschijnselen worden gevonden bij de slachtkeuring op slachthuizen door medewerkers van de NVWA. Deze dieren worden vervolgens naar het WBVR-NRL vervoerd, waar een definitieve diagnose wordt gesteld. Een actief surveillancesysteem is vanaf eind 2000 ingevoerd, waarbij aanvankelijk alle gezonde slachtrunderen, in nood geslachte runderen en gestorven runderen op BSE werden getest. Gezien de gunstige situatie is begin 2013 gestopt met het testen van gezonde slachtrunderen in een groot aantal Europese lidstaten, waaronder Nederland. Wat betreft de noodslachtingen en kadavers worden nog steeds alleen dieren ouder dan 48 maanden getest. Van 1997 tot en met 2020 zijn in totaal 88 gevallen van BSE vastgesteld bij Nederlandse runderen. In 2010 waren de laatste drie gevallen van BSE, bij één slachtrund en twee kadavers.

Vanaf 2010 zijn er geen gevallen meer vastgesteld (Tabel 2.8.1). Voor Nederland geldt in 2020 nog steeds de gunstigste risicostatus volgens de OIE en de EU: een verwaarloosbaar BSE-risico.

2.9 *Burkholderia mallei*

Ingrid Keur, Ingrid Friesema, Miriam Koene

Kwade droes of malleus (Engels: *glanders*), veroorzaakt door *B. mallei*, is een wettelijk bestrijdingsplichtige ziekte van paarden en paardachtigen, zoals ezels en muildieren. Andere diersoorten, zoals kamelen, zijn ook gevoelig. Geïnfecteerde dieren vertonen (hoge) koorts, verlies van eetlust en, afhankelijk van de plaats van besmetting (neus, longen en/of huid), verschijnselen zoals neusuitvloeiing, kortademigheid, hoesten en onderhuidse ontstekingshaarden.[30] Dit acute ziektebeeld wordt met name bij ezels en muildieren gezien. Bij paarden treedt meestal een chronisch ziektebeeld op met algemene malaise en intermitterend hoesten. In beide gevallen is de ziekte meestal dodelijk.[31] Besmette dieren kunnen binnen enkele weken sterven, maar de ziekte kan ook chronisch worden, waarbij de bacteriën jarenlang kunnen worden verspreid. Ook mensen kunnen geïnfecteerd raken met de bacterie, hoewel dat zelden voorkomt. De verschijnselen zijn vaak aspecifiek: koortsperioden, hoofdpijn, moe, vergrote lymfeknopen en spierpijn.[32] Zonder tijdige antibioticumbehandeling kan de ziekte levensbedreigend zijn. Kwade droes komt in

Tabel 2.8.1 Aantal geteste runderen per jaar in het kader van de actieve BSE surveillance in Nederland (Bron: WBVR).

	Gezonde slachtrunderen		Noodslachtingen		Kadavers	
Jaar	Aantal getest	Positief	Aantal getest	Positief	Aantal getest	Positief
2016	14	0	5.385	0	49.173	0
2017	36	0	5.197	0	41.888	0
2018	30	0	5.024	0	45.276	0
2019	27	0	5.035	0	46.965	0
2020	0	0	5.695	0	54.413	0

Nederland niet meer voor, maar is nog wel endemisch in landen in Zuid-Amerika, het Midden- Oosten en Azië. Wanneer paarden vanuit deze gebieden naar Nederland geïmporteerd worden, moeten zij vergezeld zijn van gezondheidscertificaten. Ook bij export van paarden vanuit Nederland wordt over het algemeen een vrijverklaring gevraagd gebaseerd op laboratoriumdiagnostiek (serologie). Op basis van exportdiagnostiek, uitgevoerd door WBVR (2056 testen in 2020), zijn geen bevestigde gevallen van malleus gemeld bij de NVWA. In 2020 zijn geen humane gevallen gerapporteerd.

2.10 Campylobacteriose

Eelco Franz, Roan Pijnacker, Greetje Castelijn, Jaap Wagenaar, Mark den Hartog, Lapo Mughini-Gras, Kees Veldman, Ben Wit

Campylobacter spp. zijn een veel voorkomende oorzaak van maagdarminfecties. Infecties worden met name opgelopen door inname van besmet voedsel (al dan niet via kruisbesmetting) of drinkwater, contact met (feces van) besmette dieren of oppervlaktewater. Het merendeel van de infecties verloopt asymptomatisch. Als er wel ziekteverschijnselen optreden, is dit met name gastro-enteritis, wat leidt tot buikpijn, diarree en bloed bij de ontlasting. Een griepachtig ziektebeeld kan hieraan voorafgaan. In de meeste gevallen stoppen de klachten vanzelf binnen een week. Bacteriemie is zeldzaam, evenals post-infectie reactieve artritis en Guillain-Barré-syndroom (auto-immune reactie tegen perifere zenuwen). *Campylobacter*-infecties zijn het meest geassocieerd met pluimvee (48%), honden/katten (18%), rundvee (12%) en oppervlaktewater (9%).[33] De bijdrage van reservoir-specifieke transmissieroutes via voedsel is beduidend lager dan de attributies naar de reservoirs, aangezien andere routes van transmissie (bijvoorbeeld milieu) ook belangrijk lijken te zijn.

2.10.1 Humane campylobacteriose

Incidentele gevallen van humane campylobacteriose zijn, in tegenstelling tot in diverse andere Europese landen, in Nederland niet meldingsplichtig (zie paragraaf 2.2). Campylobacteriose is hier alleen meldingsplichtig indien het een humaan cluster van twee of meer gerelateerde gevallen betreft met een vermoedelijke oorsprong in consumptie van besmet voedsel of drinkwater. Inzicht in de trend van campylobacteriose werd tot en met 2018 verkregen via de laboratoriumsurveillance die door het RIVM-CIb sinds eind jaren negentig wordt uitgevoerd, met een geschatte dekkingsgraad van 52% van de Nederlandse bevolking (voor laboratorium-bevestigde campylobacteriose). Sinds 2019 wordt gebruikgemaakt van het Infectieziekten Surveillance Informatie Systeem voor Antibiotica Resistentie (ISIS-AR), dat gegevens over antibioticaresistentie (onder andere voor Campylobacter spp.) verzamelt van een groot aantal medische microbiologische laboratoria. Het heeft in 2020 een geschatte landelijke dekkingsgraad van 65% voor *Campylobacter* spp.

Sinds 2012 daalde het aantal humane infecties met *Campylobacter* gestaag in Nederland (Tabel 2.10.1). Er zijn aanwijzingen dat de stijging tot in 2011 en de kentering in 2012 samenhangt met de sterke stijging en daaropvolgende daling van het gebruik van maagzuurremmers in die periode.[34] In 2017 werd het laagste aantal laboratorium-bevestigde gevallen van campylobacteriose gevonden sinds het begin van de registratie in 1993. Het aantal steeg echter in 2018 en 2019, maar daalde aanzienlijk in 2020. Naar schatting lag het aantal campylobacteriose-gevallen in 2020 op 3942 (6.077 in 2019, 5.944 in 2018 en 5.557 in 2017), gebaseerd op 2549 meldingen in ISIS-AR, met een dekkingsgraad van 65% (Tabel 2.10.1). Hiervan betrof het 89% *Campylobacter jejuni*, 8% *Campylobacter*

Tabel 2.10.1 Humane gevallen van infecties met *Campylobacter* spp. zoals geregistreerd door vijftien streeklaboratoria. Geteste feces: in het algemeen om redenen van gastro-enteritisklachten. (Bron: t/m 2018 Laboratoriumsurveillance RIVM, IGZ en in 2019 ISIS-AR).

	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020
Laboratorium- bevestigde gevallen	4.415	4.248	4.199	4.168	3.780	3.313	2.890	3.091	3.529	2.549
Gecorrigeerd voor dekkingsgraad	8.490	8.169	8.075	8.015	7.269	6.371	5.558	5.944	6.077	3.942
Campylobacter spp. gevallen / 100.00 inwoners	50,9	48,8	48,0	47,4	42,8	37,3	32,3	34,6	34,6	22,6
Geteste feces / 100.000 inwoners	1.413	1.412	1.412	1.519	1.704	1.754	1.702	1.795	a	a
Uitbraken (#gevallen)	16(70)	14(70)	14(79)	5(11)	9(43)	9(65)	5(12)	13(30)	7(17)	8(27)

a Onbekend.

coli, en 3% was onbekend. Deze species-verdeling is vergelijkbaar met voorgaande jaren. Het lage aantal campylobacteriose-gevallen is hoogstwaarschijnlijk gerelateerd aan de COVID-19-pandemie en maatregelen waarbij een combinatie van verminderde blootstelling, verhoogde aandacht voor hygiëne, sterk afgenomen aantal (buitenlandse) reisbewegingen, en wellicht zorgmijdend gedrag een belangrijke rol lijken te hebben gespeeld. Er werden in 2020 in totaal acht *Campylobacter*-voedselinfecties/uitbraken met 27 zieken gemeld door de NVWA en GGD'en bij het RIVM-CIb. Dit is gelijk aan voorgaande jaren.

2.10.2 *Campylobacter* bij dieren en dierlijke producten

Naast surveillance van *Campylobacter* bij de mens heeft ook monitoring plaatsgevonden van koppels vleeskuikens tijdens de slacht, dierlijke producten in de detailhandel en feces van landbouwhuisdieren (Tabel 2.10.2).

2.10.2.1 *Monitoring van pluimvee bij de slacht (NEPLUVI-data)*

De vleeskuikenslachterijen bemonsteren in het kader van deze projectmonitoring wekelijks één koppel op een wisselende dag in de week. Van dit koppel worden één gepoold blindedarmmonster (tien blindedarmen) en vijf individuele nekvelmonsters genomen. Resultaten van de bemonstering worden jaarlijks gepubliceerd op de NEPLUVI-website (*https://www.nepluvi.nl/page/244/eindrapportages-campylobacter.html*). NEPLUVI rapporteert dat 66% van de koppels 'niet/laag *Campylobacter*-besmet' (dat wil zeggen <10,000 kve/g in blindedarmmonsters) en 34% '*Campylobacter* (hoog) besmet' (dat wil zeggen >10,000 kve/g) werd aangeleverd (in 2019 was dit respectievelijk 55,9% en 44,1%) en is hiermee het laagst sinds 2013.

Per 1 januari 2018 is een Europees proceshygiëne-criterium (PHC) in werking getreden. Het PHC schrijft voor dat in een periode van tien weken niet meer dan vijftien nekvel-mengmonsters van de vijftig boven de kritische grens van 1000 cfu/g mogen komen. Per 1 januari 2020 is het criterium aangescherpt en mogen nog maar vijftien van de vijftig nekvel-monsters (genomen over een periode van tien weken) de kritische waarde van de 1.000 kve/gr overschrijden (n=50, c=15, M=1.000). Op 1 januari 2025 zal het criterium nog verder worden aangescherpt (n=50, c=10, M=1.000). Volgens de NEPLUVI-rapportage (*https://www.nepluvi.nl/page/244/eindrapportages-campylobacter.html*) waren er in 2020 in totaal dertien overschrijdingen van het geldende PHC, wat beduidend minder is dan in voorgaande jaren. Wanneer het PHC overschreden wordt, moet er, volgens de wet, verbetering van de hygiëne bij het slachten worden doorgevoerd, of verbeterde bio-veiligheidsmaatregelen op de pluimveebedrijven worden uitgevoerd.

In het kader van verificatie werden door de NVWA 284 monsters van nekvellen op zestien slachterijen genomen. In 9,2 % van de gevallen werden tellingen met meer dan 1.000 kve/g gevonden. Dit komt overeen met de tellingen van uitslagen met hogere waarden dan 1.000 kve/gr uit de NEPLUVI-data; 9,3%.

Tabel 2.10.2 *Campylobacter* spp. in vlees in de winkel en melktaps (Bron: Monitoringprogramma NVWA).

	2014		2015		2016		2017		2018		2019		2020	
	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +
Kip (vers)	589	27,0	597	34,5	207	37,2	233	34,8	295	37,6	237	32,9	232	40,1
Kip (bereiding)	635	15,4	683	20,9	268	19,8	255	30,2	300	27,7	294	34,7	232	30,2
Kalkoen (vers)	41	14,6	82	18,3	184	12,5	40	17,5	22	18,2	14	28,6	14	18,6
Kalkoen (bereiding)	9	0,0	12	8,3	67	4,5	12	25	4	25,0	5	20,0	6	16,7
Rund en Kalf	409	0,5	475	0,4	497	1,0	507	1,0	-	-	-	-	-	-
Varken	744	0,3	774	0,5	270	0,0	280	0,4	-	-	-	-	-	-
Lam	29	3,4	49	2,0	110	8,2	183	6,6	282	2,1	240	0,8	46	0,0
Schaap	-	-	-	-	28	10,7	5	0,0	1	0,0	-	-	-	-
Geit	-	-	-	-	26	7,7	8	0,0	4	0,0	4	0,0	-	-
Melk (melktaps)	-	-	-	-	36	0,0	-	-	100	0,0	104	1,0	-	-
Groente rauw	-	-	-	-	-	-	-	-	862	0,0	819	0,0	979	0,1
Maaltijdsalades	-	-	-	-	-	-	-	-	164	0,6	262	0,4	239	0,0
Wokgroenten	-	-	-	-	-	-	-	-	296	0,0	278	0,4	250	0,4
Paddestoelen	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	75	0,0	79	1,3

n: aantal geteste monsters
%+: percentage positieve monsters

In het kader van de antibioticaresistentie-monitoring in landbouwhuisdieren isoleert *Wageningen Bioveterinary Research* in opdracht van de NVWA jaarlijks *Campylobacter* uit caeca van vleeskuikens volgens de ISO-methode. In 2020 zijn 683 monsters van vleeskuikens onderzocht. Hieruit zijn 167 *C. jejuni* geïsoleerd (24,4%) en 60 *C. coli* (=8,8%). Daarnaast zijn tweehonderd monsters van leghennen onderzocht, waaruit 79 *C. jejuni* (=39,5%) en 107 *C. coli* (53,5%) zijn geïsoleerd. De monsters van vleeskuikens zijn afkomstig van unieke koppels. De tweehonderd monsters van leghennen zijn afkomstig van 168 verschillende bedrijven.

2.10.2.2 *Surveillance van dierlijke producten in de detailhandel*

Het percentage partijen vers kippenvlees (dat door de NVWA bemonsterd is in de detailhandel en geanalyseerd is door WFSR) dat *Campylobacter* bevat, varieerde tussen 2013 en 2020 tussen 27 en 40%, met een licht stijgende trend over de jaren (Tabel 2.10.2). Telling van *Campylobacter* in 237 monsters resulteerde in één monster tussen 100 en 1000 kve/g en één monster tussen 1000 en 10.000 kve/g (overige samples alle <10 kve/g).
Bij (gekoelde) bereidingen van kip wordt *Campylobacter* in een significant lager percentage van de partijen gevonden dan in vers (gekoeld) pluimveevlees. De lagere percentages kunnen verklaard worden doordat bereidingen van pluimveevlees een intensievere bewerking ondergaan dan vers pluimveevlees en toevoegingen bevatten (zout/kruiden), waardoor *Campylobacter* mogelijk afsterft. In rauw vlees anders dan pluimveevlees wordt veel minder, maar zeker niet verwaarloosbaar, *Campylobacter* gevonden (Tabel 2.10.2). Vlees van rund en varken werd in 2020 niet onderzocht op Campylobacter.

2.10.2.3 *Surveillance Landbouwhuisdieren-project*

In het kader van het gezamenlijke RIVM-NVWA-WFSR-project 'Surveillance Landbouwhuisdieren' zijn in 2019 en 2020 vleesvarkensbedrijven bezocht. In mest van 76% van de bedrijven werd *Campylobacter* (alle *C. coli*) gevonden (na ophoping). Op monsterniveau (n=750) was dit 71%.

2.10.3 Resistentieontwikkeling

Zie MARAN-rapportage over 2020 (*https://www.wur.nl/en/Research-Results/Research-Institutes/Bioveterinary-Research/In-the-spotlight/Antibiotic-resistance/MARAN-reports.htm*). Humane *Campylobacter*-isolaten (89% *C. jejuni*) vertonen sinds 1992 een geleidelijke stijging in resistentie tegen fluoroquinolonen (norfloxacine, ofloxacine en ciprofloxacine) tot op een resistentie-niveau van bijna 69% in 2019. In 2020 nam dit af naar 62%, hoogstwaarschijnlijk als resultaat van verminderde buitenlandse reisbewegingen als gevolg van de COVID-19-lockdown. Ook resistentie tegen tetracycline nam voor het eerst in jaren licht af van 54% in 2019 naar 52% in 2020. Het aandeel *C. jejuni*-isolaten van slachtkuikens die resistent zijn tegen fluoroquinolonen bleef de afgelopen tien jaar op een hoog niveau en was met 68,9% in 2020 niet echt verschillend van 2019 (69,7%). Het aandeel fluoroquinolon-resistentie in *C. jejuni* uit pluimveevlees bereikte met 76,3% in 2020 het hoogste niveau sinds het begin van de monitoring. Resistentie tegen macroliden (eerste keuzemiddel bij *Campylobacter*-infecties) is al jarenlang laag (in 2020 2,4% van de humane *C. jejuni*-isolaten, en niet aangetroffen onder *C. jejuni* bij vleeskuikens, leghennen en kippenvlees).

2.11 Echinokokkose

Joke van der Giessen, Mauro De Rosa, Miriam Maas, Titia Kortbeek

Echinokokkose is een parasitaire zoönose veroorzaakt door het larvale stadium van kleine lintwormen, die behoren tot het geslacht *Echinococcus*. Er zijn vier verschillende *Echinococcus*-soorten bekend: *E. granulosus* (kleine hondenlintworm), *E. multilocularis* (vossenlintworm), *E. oligarthrus* en *E. vogeli*. Alle *Echinococcus*-soorten hebben carnivoren als eindgastheer. In Europa komen *E. granulosus* en *E. multilocularis* voor. *E. granulosus* is een lintworm (2 tot 7 mm groot), die voorkomt in de dunne darm van honden en hondachtigen. *E. multilocularis* is een lintworm (1,5 tot 4,5 mm groot), die voorkomt in de dunne darm van wilde carnivoren, zoals vossen, wolven, wasbeerhonden, maar ook honden en katten. Deze carnivoren zijn eindgastheer, dat wil zeggen dat zij het volwassen stadium van de lintworm in de darm hebben. In de feces kunnen eieren worden gevonden. Kleine knaagdieren zijn gewoonlijk de tussengastheren van *E. multilocularis*. *E. granulosus* senso lato vormt een complex, dat verdeeld kan worden in elf verschillende genotypen, waarbij genotypen 1-3 *E. granulosus* senso stricto wordt genoemd. *E. granulosus* ss (genotype 1) komt wereldwijd voor, is endemisch in Europa rond het Middellandse Zeegebied, vormt fertiele cysten bij met name schapen en is het meest pathogeen voor mensen. *E. equi*, voorheen genotype 4, komt voor bij paarden en andere equidae, en zoönotische overdracht is vrijwel afwezig. *E. ortleppi*, voorheen genotype 5, wordt nog zelden gevonden in Europa (ook Nederland), vormt fertiele cysten bij met name rundvee en er zijn sporadische gevallen bij de mens gerapporteerd, waaronder twee in Nederland. *E. canadensis* omvat een cluster met genotypen 6 tot 10, waarvan G6 voorkomt bij geiten en kamelen, G7/G9 bij varkens in Oost-Europa, G8 en G10 bij hertachtigen, waaronder rendieren.

E. felidae (genotype 11) komt voor bij katachtigen in Afrika. Mensen kunnen bij alle *Echinococcus*-species tussengastheer zijn en zijn dan geïnfecteerd met het larvale stadium, de blaasworm.[35] De incubatietijd van deze lintworminfecties is lang – gemiddeld tien jaar – tenzij de patiënt immuun-gecomprimitteerd is, dan duurt het korter.

De ziekten die de *Echinococcus* veroorzaakt, worden hydatidose of cysteuze echinokokkose genoemd indien veroorzaakt door *E. granulosus* sl. en alveolaire echinokokkose indien veroorzaakt door *E. multilocularis*. *E. vogeli* en *E. oligarthrus* komen vooral in Latijns-Amerika voor. Van *E. oligarthrus* zijn verschillende eindgastheren, waaronder de poema (*Puma concolor*), bekend, de eindgastheer van *E. vogeli* is de boshond (*Speothos venaticus*). Bij *E. granulosus*-infecties bij mensen ontstaan één of meerdere cysten bestaande uit met vocht gevulde blazen in de lever, longen of soms andere organen. Bij een deel van deze cysten zijn schotten zichtbaar en zijn er dochtercysten. De cysten kunnen erg groot worden (> 20 cm) en mechanische klachten geven door verdringing van andere organen. Bij het openbarsten van een cyste kan een anafylactische shock ontstaan en kan de infectie zich in de buikholte of andere organen verspreiden.
E. multilocularis-infecties bij mensen presenteren zich heel anders: daarbij begint de larve bijna altijd in de lever en groeit als een kwaadaardig gezwel door de lever naar andere organen. Er is meestal geen sprake van een cyste, maar een lesie die sterk aan een maligniteit doet denken, met verkalkingen, necrose, holtes, enzovoorts. Afhankelijk van de locatie van de uitbreiding kunnen er klachten ontstaan (doorgroei in longen, bloedvaten of zenuwen).
Er zijn wereldwijd slechts enkele patiënten met een *E. oligarthrus* (unicysteuze echinokokkose) beschreven. Voor *E. vogeli* is de klinische presentatie een polycysteuze lesie. In 2013 werd de eerste importpatiënt in Nederland, afkomstig uit Suriname, beschreven met een *E. vogeli*-infectie.[36]

2.11.1 Echinokokkose bij dieren

2.11.1.1 *E. granulosus*

Echinokokkose bij dieren (Tabel 2.11.1) is meldingsplichtig maar niet bestrijdingsplichtig (Tabel 2.2.1). Honden en hondachtigen zijn de eindgastheer van deze parasiet, maar als tussengastheer komt het blaaswormstadium voor bij verschillende soorten landbouwhuisdieren, zoals het rund, schaap en varken. Door het ontbreken van zowel klinische verschijnselen bij landbouwhuisdieren, als diagnostische mogelijkheden bij het levende dier, ligt de focus van bewaking en beheersing in de slachtfase.

Blaaswormen bevinden zich bij runderen meestal in de lever, de longen of in beide organen. Detectie is afhankelijk van inspectie en palpatie tijdens de slacht. Wanneer bij slachtdieren een *Echinococcus*-verdachte cyste wordt vastgesteld, wordt deze microscopisch onderzocht en vervolgens met PCR geconfirmeerd door het NRL-P bij het RIVM. Van runderen en kleine herkauwers moeten, volgens de NVWA-werkvoorschriften en conform de EU-regelgeving (EU 2019/627), de ingewanden van borst- en buikholte worden afgekeurd voor humane consumptie wanneer er macroscopisch waarneembare blazen in één of meerdere organen aanwezig zijn. Voor menselijke consumptie bestemde organen van runderen zonder macroscopisch waarneembare besmetting met echinokokkose, maar afkomstig uit echinokokkose- risicolanden (Roemenië, Bulgarije en vanaf 2015 Hongarije) worden slechts geschikt verklaard voor menselijke consumptie onder voorwaarde dat ze een koude-behandeling ondergaan (-20°C gedurende minimaal twee dagen). Door de werkvoorschriften wordt getracht te voorkomen dat besmette (delen van) runderen in de voedselketen terechtkomen. Autochtone gevallen van *E. granulosus* komen sinds decennia niet meer voor in Nederland door goede slachthuisinspectie en -hygiëne (destructie positieve organen) en de introductie van commerciële voeders voor honden,

Tabel 2.11.1 Echinokokkose bij dieren, aantal positieve en geteste dieren (Bron: NVWA, GD, RIVM).

Jaar	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020
Runderen (NVWA/RIVM)[a,b]	0/1	40/42	0/1	-	-	-	-
Schapen (NVWA/RIVM)	0/1	-	0/1	0/1	-	-	-
Honden	0/142	-	-	-	-	-	-
Vossen[c]	-	-	-	2/171	-	-	-
Wasbeerhonden	-	0/7	-	1/14	-	-	0/8

a *E. granulosus* G1
b *E. granulosus* G3
c *E. multilocularis*

die door voldoende behandeling geen risico vormen. Een mogelijk risico vormt de toenemende populariteit van rauwe verse orgaanvleesvoeding van onbekende oorsprong voor honden, zoals BARF (*Bones and Raw Food*) of KVV (Kant-en-klaar Vers Vlees). In 2015 zijn er bij de NVWA meerdere meldingen binnengekomen van verdenkingen van een besmetting met *E. granulosus* op slachthuizen. Dit betrof runderen die voor de slacht waren ingevoerd vanuit Roemenië, Tsjechië en Hongarije. Bij 40 van de 42 onderzochte runderen is toen een besmetting met *E. granulosus* door het RIVM bevestigd[37,38]. In 2020 zijn door de NVWA geen echinokokkoseverdenkingen bij slachtdieren naar het NRL-P bij het RIVM gestuurd.

2.11.1.2 *E. multilocularis*

In Nederland is de vossenlintworm (*E. multilocularis*) voor het eerst in 1996-1997 aangetoond bij vossen in delen van Zuid-Limburg en Oost-Groningen.[39] Sindsdien verspreidt de parasiet in Limburg zich vanuit de zuidelijke regio in noordelijke richting. In de omgeving van Maastricht is in 2012-2013 een sterke toename van de prevalentie gevonden bij vossen.[40] De snelheid van de verspreiding van *E. multilocularis* in Nederland kan worden beïnvloed door de komst van nieuwe gastheren, zoals bijvoorbeeld de wasbeerhond (Nyctereutes procyonoides). Deze invasieve exoot wordt steeds vaker in Nederland gezien. In 2013-2014 zijn negen wasbeerhonden onderzocht op *E. multilocularis*. Met de sedimentatie-en-tel-methode waren ze allemaal negatief, maar met de *Magnetic Capture* Q-PCR voor *E. multilocularis* was één wasbeerhond herhaaldelijk positief, hoewel met een zwak signaal. De wasbeerhond werd gevonden in de provincie Flevoland, waar tot nu toe nog niet eerder *E. multilocularis* is gevonden.[41] In 2016-2017 is onderzoek bij vossen in Noordoost-Nederland (Groningen en Drenthe) uitgevoerd om meer inzicht te krijgen over het huidige verspreidingsgebied van *E. multilocularis* in het noorden van Nederland. Bij dit onderzoek zijn twee besmette vossen gevonden, maar er zijn, in tegenstelling tot Zuid-Nederland, geen aanwijzing dat de vossenlintworm verder verspreid is buiten het bekende endemische gebied in Oost- Groningen.[42]

In 2020 zijn tien wasbeerhonden onderzocht op vossenlintworm, waarvan één al eerder in 2019 was verzameld. Twee wasbeerhonden waren dermate beschadigd dat microscopisch onderzoek van de darm niet mogelijk was. De overige acht wasbeerhonden waren microscopisch negatief. Moleculaire detectie van vossenlintworm zal nog plaatsvinden. Eind 2020 is een onderzoek gestart in Midden- en Noord-Limburg om te onderzoeken hoe ver noordelijk het verspreidingsgebied van de vossenlintworm is in Limburg. Hiervoor zijn onder andere jagers gevraagd om vossenfeces te verzamelen. Dit onderzoek loopt door in 2021.

2.11.2 Echinokokkose bij mensen

Echinokokkose (dit geldt zowel voor *E. granulosus* als *E. multilocularis*) bij mensen is in Nederland niet meldingsplichtig. In Nederland wordt in vier laboratoria serologische en moleculaire diagnostiek verricht naar *Echinococcus granulosus*, te weten in het laboratorium van het EMC/Havenziekenhuis in Rotterdam, het AUMC in Amsterdam, het LUMC in Leiden en door het CIb-RIVM in Bilthoven. De nieuwe positieve patiënten worden op vrijwillige basis doorgegeven aan het CIb-RIVM. *E. granulosus*-infecties zijn vaak chronische aandoeningen waardoor patiënten langdurig serologisch worden vervolgd en het totaal aantal positief bevonden patiënten veel groter is. In dit overzicht hebben we alleen de nieuwe patiënten opgenomen. Tot en met 2017 was het mogelijk om de patiënten te ontdubbelen: dat wil zeggen alle patiënten die in meerdere laboratoria werden getest konden worden achterhaald. Echter, door de nieuwe privacywetgeving (AVG) is dit niet meer mogelijk. Ervaringen uit het verleden leert dat er meerdere patiënten in meer dan één laboratorium werden getest. Daar kunnen we nu dus niet meer voor controleren. Het aantal nieuwe patiënten zal daardoor overschat zijn.

Figuur 2.11.1 Nieuwe patienten met *E.granulosus* in 2020 in Nederland naar geslacht en leeftijd (Bron: Havenziekenhuis, LUMC, AMC, RIVM).

In 2020 werd bij in totaal 48 nieuwe patiënten de diagnose *Echinococcus granulosus* vastgesteld (Figuur 2.11.1). Het betrof 27 mannen en 21 vrouwen, in leeftijd variërend van zeven tot 82 jaar. Bij een man tussen 25 en 44 jaar oud werd een infectie met *E.multilocularis* vastgesteld. Navraag bij de centra die betrokken zijn bij de diagnostiek voor echinokokkose leert dat voor zover

bekend nog steeds de meeste patiënten afkomstig zijn uit het Middellandse Zeegebied (met name Marokko en Turkije) en Oost-Europa. Sinds 2015 worden ook relatief veel patiënten uit Syrië en Irak gezien. Het viel in 2020 op dat er relatief veel infecties werden gezien bij asielzoekers uit Syrië (signaal 3566, 30 juli 2020). Hierbij valt op dat de patiënten uit Syrië jonger zijn en veel vaker cysten hebben met een lokalisatie buiten de lever. Bij de Syrische patiënten uit het Amsterdam UMC betrof het in twaalf van de zeventien gevallen een cyste in longen en/of long en lever. Bij sommige van deze patiënten is de antistof-respons laag of zelfs niet meetbaar. Dit kan het geval zijn bij een cyste in de long of na een ruptuur van een cyste. In het laatste geval wordt de serologie na een aantal weken (weer) positief.

2.12 Leptospirose

Roan Pijnacker, Marga Goris, Miriam Maas, Marloes van Dijk

Leptospiren kunnen worden onderverdeeld in pathogene en niet-pathogene leptospiren. De niet-pathogene leptospiren (*Leptospira biflexa* sensu lato) komen van nature voor in water en modder. De pathogene leptospiren behoren tot het species *L. interrogans* sensu lato en kunnen leptospirose veroorzaken bij mensen en dieren. Vooral knaagdieren, koeien en honden kunnen reservoir zijn voor deze pathogene leptospiren. Leptospiren dringen via wondjes in de huid of door de slijmvliezen van oog, neus en mond actief het lichaam binnen. Een besmetting kan overgebracht worden door direct of indirect contact met leptospiren door bijvoorbeeld besmette urine, gecontamineerd (oppervlakte)water, modder of sperma, maar kan ook ontstaan via consumptie van besmet voedsel en drank, bijvoorbeeld rauwe melk, of door inademing van besmette aerosolen. Met rattenurine besmet oppervlaktewater en de omgeving hiervan is de grootste risicobron voor honden en de mens.
De verschijnselen van leptospirose bij mensen kunnen variëren van milde griepachtige verschijnselen tot een dodelijke vorm met verschijnselen zoals geelzucht, nierfalen en bloedingen. De meest gesignaleerde symptomen in Nederland zijn koorts, spierpijn, hoofdpijn, koude rillingen, diarree, braken en verminderde urineproductie. Een ernstige vorm van leptospirose is ook bekend als de Ziekte van Weil.

2.12.1 Leptospiren bij mensen

Na een sterke toename van het aantal leptospirose-gevallen in 2014 (n=97), voornamelijk toe te schrijven aan autochtone infecties (n=60), nam het aantal gevallen gradueel af (twintig autochtone gevallen in 2018), hoewel het boven het aantal bleef van vóór 2014. In 2019 werd echter weer een hoog aantal leptospirosegevallen gemeld, namelijk 124, waarvan 57 de infectie hadden opgelopen in Nederland (Figuur 2.12.1, Tabel 2.12.1). In 2020 werden 64 leptospirosegevallen gemeld. Deze afname komt voornamelijk door een afname van leptospirose onder reizigers door de COVID-19-pandemie. In totaal liepen 56/64 (88%) leptospirose op in Nederland, 7/64 (11%) in het buitenland, en van één geval was het onbekend. Zoals gebruikelijk voor leptospirose was het merendeel man (57/64, 89%). De mediane leeftijd was 43 jaar (spreiding 7-78 jaar). In totaal werden 51/56 (91%) van de autochtone en 5/7 (71%) van de reis-gerelateerde gevallen opgenomen in het ziekenhuis, waarvan respectievelijk vijftien (31%) en nul op de intensive care. Drie patiënten die leptospirose hadden opgelopen in Nederland overleden als gevolg van de ziekte.

Figuur 2.12.1 Aantal gevallen van leptospirose, geconfirmeerd door het Nationaal Referentie-laboratorium Leptospirose (NRL), inclusief locatie van besmetting.

In 2020 werd het merendeel van de autochtone gevallen ziek in de periode juni tot en met november (n=51, 91%), met een sterke piek in augustus (n=16, 31%). Er werd melding gemaakt van werk-gerelateerde leptospirose bij 7/56 (13%) van de autochtone gevallen. Dit betrof bij allen werkzaamheden waarbij contact was met water/modder of uitwerpselen van ratten, onder wie medewerkers van agrarische bedrijven, hoveniers, een baggeraar, en een rioolwerker. De meest voorkomende besmettingsroute vond plaats via oppervlaktewater en/of modder, voornamelijk door zwemmen in oppervlaktewater 36/56 (64%). Andere besmettingsroutes waren met de handen in aarde werken (3/56, 5%) en direct diercontact (2/56, 4%). Bij 15/56 (27%) gevallen was de waarschijnlijkste besmettingsroute onbekend.

Er werden slechts zeven gevallen van leptospirose gemeld onder Nederlandse reizigers, waaronder Zuid-Amerika (n=3), Zuidoost-Azië (n=1), Centraal-Amerika (n=1) en Europa (n=1). Alle importgevallen waarbij de bron van besmetting bekend was (n=6) liepen de ziekte op door contact met oppervlaktewater en/of modder.

Van de autochtone gevallen kon in 24 gevallen de vermoedelijk infecterende serogroep worden bepaald: Icterohaemorrhagiae (n=20), Pomona (n=2), Sejroe (n=2). Bij zeventien autochtone patiënten waar geen serogroep van bepaald kon worden, was het wel mogelijk om op basis van een positieve PCR een uitspraak te doen over het *Leptospira*-species: 15/17 behoorden tot *Leptospira interrogans* sensu stricto, en 2/17 tot *Leptospira kirschneri* sensu stricto. In Nederland opgelopen infecties met *L. interrogans s.s* wijzen meestal naar serogroep Icterohaemorrhagiae (bron ratten) en met *L. kirschneri s.s.* naar serogroep Grippotyphosa (bron muizen). Van de geïmporteerde gevallen kon voor vier patiënten de vermoedelijk infecterende serogroep worden bepaald: Grippotyphosa (n=2), Bataviae (n=1), Celledoni (n=1).

2.12.2 Leptospiren bij dieren

Er komen in Nederland bij verschillende diersoorten *Leptospira* spp. voor. De meest pathogene *Leptospira* voor mensen zijn *Leptospira* van de serogroep Icterohaemorrhagiae, die in ratten voorkomen en die de ziekte van Weil kunnen veroorzaken. Van de serogroep Icterohaemorrhagiae worden zowel serovar Icterohaemorrhagiae en serovar Copenhageni gevonden in Nederland. Naast ratten vormen ook muizen een reservoir voor *Leptospira* spp., vooral van de serogroepen Grippotyphosa en Ballum. In het thema-hoofdstuk van de *Staat van Zoönosen 2016* is meer informatie te vinden over leptospirose in knaagdieren.[43]

Tabel 2.12.1 Overzicht over het aantal positieve leptospirose diagnoses en de meest voorkomende serogroepen (Bron: surveillance gegevens Osiris en Nationale Referentie Laboratorium voor Leptospirosen).

	2014 n (%)	2015 n (%)	2016 n (%)	2017 n (%)	2018 n (%)	2019 n (%)	2020 n (%)
Aantal bevestigde patiënten	97	89	84	71	48	124	64
Aantal mannen	80 (82)	66 (74)	70 (83)	56 (79)	39 (81)	102 (82)	57 (89)
Infectie opgelopen in Nederland	60 (62)	44 (49)	35 (42)	31 (44)	20 (42)	57 (46)	56 (88)
Beroepsmatige infecties in Nederland	15 (15)	16 (18)	6 (7)	7 (10)	3 (6)	12 (21)	7 (13)
Infecties in Zuidoost Azië/Thailand	25 (26)	28 (31)	33 (39)	20 (28)	12 (25)	40 (32)	2 (29)
Serogroep*							
Icterohaemorrhagiae	10	16	11	6	11	12	20
Grippotyphosa	8	1	7	4	2	11	2
Javanica	3		1		2	2	
Sejroe	3	2	2	1			2
Sejroe/Hebdomadis/Mini complex	2	6	2		2	8	
Mini	2	1	2	1			
Australis	2	2	1	2	2	4	
Pyrogenes			3	3		2	
Cynopteri	1						
Celledoni	1	1			1	1	1
Pomona	1	2	1		1		2
Bataviae			3			3	1
Shermani			1	1	1		
Tarassovi				1			
Javanica/Celledoni						2	
Onbekend	64	58	50	52	27	79	25

* Vermoedelijke serogroepen gebaseerd op de MAT.

In 2020 zijn bruine en zwarte ratten uit stedelijke gebieden verzameld. Deze zullen in 2021 worden getest. Daarnaast is één bever getest; deze was negatief.

In 2020 betreft het percentage positief geteste honden 14%. Dit wijkt niet significant (p>0.05) af van de jaren 2010-2019. Het vóórkomen van leptospirose bij honden lijkt daarmee stabiel. Het is belangrijk om in ogenschouw te nemen dat het gaat om kleine aantallen positieve honden, dat niet bij iedere verdachte patiënt diagnostiek wordt ingezet door dierenartsen en dat het VMDC niet het enige laboratorium is dat leptospirose-diagnostiek uitvoert bij honden. Conclusies over de exacte prevalentie in de Nederlandse hondenpopulatie zijn dan ook lastig te trekken.

2.13 Listeriose

Ingrid Friesema, Bart Wullings, Menno van der Voort

Listeria monocytogenes is een ubiquitair voorkomende Gram-positieve bacterie die onder andere voorkomt in bodem, water, feces en op vegetatie. Veel dieren dragen *L. monocytogenes* in hun darmen bij zich en scheiden het uit via de feces. De bacterie kan onder ongunstige omstandigheden, zoals droogte en lage temperaturen (vanaf 0 ^{0}C) overleven en zelfs groeien. Niet goed geconserveerd kuilgras (pH te hoog) kan daardoor verontreinigd raken met een flinke hoeveelheid bacteriën en is daarmee een belangrijke bron van infectie voor met name (kleine) herkauwers. Consumptie van dit kuilvoer kan leiden tot een infectie die symptoomloos kan verlopen of kan leiden tot aantasting van de hersenen, en bij drachtige dieren van de vrucht. Lacterende dieren kunnen de bacteriën onder andere via de melk gaan uitscheiden. Van de herkauwers zijn vooral schapen en geiten gevoelig voor listeriose, maar ook bij runderen treedt het regelmatig op. De dieren gaan rondjes lopen door eenzijdige hersenontsteking en bij drachtige ooien worden de vruchten verworpen. Klinische verschijnselen van listeriose zijn lang niet altijd heel duidelijk, maar bij meerdere gevallen in een koppel doen zich meestal bij een deel van de dieren wel de typische verschijnselen voor.[44]

Mensen raken vooral geïnfecteerd door de consumptie van voedsel dat besmet wordt vanuit de productieomgeving, zoals (rauwmelkse) kazen, vleeswaren, rauwe, gerookte of gemarineerde vis, en kant-en-klare producten zoals sandwiches en voorverpakte salades.[45,46] De meeste infecties met *Listeria monocytogenes* verlopen asymptomatisch of als een mild ziektebeeld met griepachtige verschijnselen. Bij personen met een verstoorde afweer verloopt de infectie vaak ernstiger. Er kan dan een gegeneraliseerde infectie ontstaan met bacteriëmie, meningitis of meningo-encefalitis, evenals peritonitis, bot- en gewrichtsinfecties, peri- of endocarditis en sepsis.[45,47] Bij zwangeren kan de infectie leiden tot intra-uteriene vruchtdood en vroeggeboorte, waarbij de vrouwen zelf geen ziekteverschijnselen hoeven te vertonen. Contact met geïnfecteerd vrucht(water) kan onder andere ook tot huidinfecties leiden.[48] Het aantal mensen dat listeriose oploopt is niet heel groot, maar de ziektelast is door de ernst van de ziekte hoog.[49,50]

2.13.1 Listeriose bij mensen

Sinds 2005 bestaat een geïntensiveerde surveillance van *Listeria monocytogenes* in Nederland. Vanaf 2006 worden daarbij ook de resultaten van de voedselmonitoring door de NVWA betrokken. In december 2008 is listeriose opgenomen in de lijst van meldingsplichtige ziekten bij de mens. In 2020 werden 95 patiënten gemeld (Figuur 2.13.1), waarvan 93 via de aangifte. Dit komt overeen met een incidentie van 0,55 ziekte-gevallen per 100.000 inwoners per jaar in Nederland. De incidentie is daarmee iets gedaald ten opzichte van 2019, toen de hoogste incidentie werd gezien sinds de invoering van de meldingsplicht eind 2008.

Figuur 2.13.1 Aantal *Listeria*-patiënten bij de mens, totaal en zwangerschap gerelateerd.

Eén patiënt (1%) was in 2020 zwanger, van een tweeling, ten tijde van de *Listeria*-infectie. Beide baby's zijn levend geboren. Negentien volwassen patiënten in de leeftijd van 38 tot 98 jaar (mediaan 83 jaar) overleden. Het sterftepercentage in 2020 onder gemelde patiënten met listeriose (exclusief zwangerschapsgerelateerde sterfte onder baby's) was 21%. Het sterftepercentage varieert sterk door de jaren heen en was het hoogst in 2006 (31%) en het laagst in 2011 (5%). Gemiddeld stierf

13% van de volwassen gemelde patiënten (2005-2019). De incidentie, berekend over 2016-2020, stijgt met de leeftijd, met uitzondering van een lichte piek voor vrouwen in de leeftijd 20-39 jaar, die voornamelijk zwangere vrouwen betreft (Figuur 2.13.2). Boven de 65 jaar is de incidentie hoger onder mannen dan onder vrouwen.

Figuur 2.13.2 Incidentie per 100.000 inwoners, per leeftijdsgroep en geslacht, 2016-2020.

Alleen van de officieel gemelde patiënten zijn extra gegevens bekend; in 2020 hadden tien patiënten (11%) geen onderliggend lijden en gebruikte geen immunosuppressiva of maagzuurremmers; hiervan waren zes patiënten ouder dan 65 jaar. Sepsis (28%) was het meest voorkomende ziektebeeld, gevolgd door maagdarminfectie (24%), meningitis (20%) en longontsteking (12%).

Van 83 patiënten is het isolaat door het NRBM geserotypeerd en daarna doorgestuurd naar het RIVM voor sequencing. *L. monocytogenes* serotype 4b (54%) bleek het meest voor te komen, gevolgd door 1/2a (38%) en 1/2b (9%). Alle humane isolaten en isolaten gevonden in voedsel worden geanalyseerd met behulp van WGS. De gecombineerde WGS-data van klinische en voedselisolaten worden gebruikt voor clusterdetectie met *core-genome multi-locus sequence typing* (cgMLST). In totaal 23 clusters met vijftig humane isolaten uit 2020 werden geïdentificeerd, waaronder zestien clusters met één humaan isolaat uit 2020 (zes clusterend met 1-9 humane isolaten uit voorgaande jaren; twee clusterend met één of meer voedselisolaten; één passend in een buitenlands cluster; zeven clusterend met zowel humane isolaten uit voorgaande jaren als voedselisolaten). De overige zeven clusters bestonden uit twee tot elf humane isolaten uit 2020 en humane isolaten uit voorgaande jaren (n=1), voedselisolaten (n=2), link met een buitenlands cluster (n=1) en humane isolaten uit voorgaande jaren en voedselisolaten (n=3).

De drie grootste humane clusters in 2020 konden naast een microbiologische link met een voedselproduct ook met redelijke epidemiologische zekerheid aan het desbetreffende voedselproduct gelinkt worden: vijf patiënten (en één patiënt in 2019) aan zachte kaas; negen patiënten (en één patiënt in 2017 en twee in 2019) aan paling; elf patiënten aan forelfilet.

2.13.2 *Listeria* in voedsel

In Europa is het terugdringen van het aantal listeriosegevallen een speerpunt. Aangezien de mens voornamelijk door levensmiddelen aan *Listeria* wordt blootgesteld, zijn er op Europees niveau wettelijke normen voor *L. monocytogenes* opgesteld voor kant-en-klare levensmiddelen (inclusief zuigelingenvoeding en voeding voor medisch gebruik). Deze normen zijn vastgelegd in Verordening (EG) nr. 2073/2005.[51] Algemeen geldt een norm van ≤ 100 kve/gram gedurende de gehele houdbaarheid van het product en in bijzondere gevallen geldt afwezigheid in 25 gram direct na productie. Voor zuigelingenvoeding en voeding voor medisch gebruik geldt de eis van afwezigheid in 25 gram. De NVWA doet jaarlijks onderzoek naar het voorkomen van *L. monocytogenes* in levensmiddelen. De nadruk ligt hierbij op langer houdbare (> 5 dagen), koelverse levensmiddelen, die na eventuele verhitting nog een extra bereidingsstap hebben ondergaan, zoals snijden. In 2020 onderzocht de *Wageningen Food Safety Research* (WFSR) in opdracht van de NVWA circa 3300 (partijen van) levensmiddelen kwantitatief en 3200 monsters kwalitatief op aanwezigheid van *L. monocytogenes*. Hieruit zijn 330 isolaten verkregen. Veruit de meeste isolaten zijn verkregen met behulp van de kwalitatieve methode en de overige acht isolaten met behulp van de kwantitatieve methode.

De herkomst van de isolaten is als volgt: 81 uit visproducten (33 forel, vijftien zalm, elf haring, negen makreel, zes paling, vijf garnalen, twee kreeft(jes)), 92 uit vers pluimveevlees (89 kip, drie kalkoen), 38 rund/kalfsvlees-monsters, 43 vleesproducten rauw te consumeren (dertig filet américain), negentien uit kleine herkauwersvleesproducten, achttien varkensvleesproducten, 29 uit importpluimveemonsters, zeven monsters importroodvlees, één uit import exotisch vlees monsters, één uit zeewier en één uit rauw te consumeren groente.

Genoserotypering was mogelijk voor 321 isolaten en heeft geresulteerd in 161 stammen met type IIa (50%), 60 stammen met type IIc (19%), 41 stammen met type IIb (13%), en 59 stammen met type IVb (18%). Wat hierbij opvalt is het hogere percentage IVb-getypeerde isolaten ten opzichte van 2019 (toen 11%). Meer dan de helft van de IVb-getypeerde isolaten zijn daarbij geïsoleerd uit visproducten, 34 van de 59 stammen.

2.14 Orthohantavirus

Miriam Maas, Roan Pijnacker, Johan Reimerink, Ingrid Keur, Harry Rozendaal

Orthohantavirussen (voormalige naam: hantavirussen[52]) circuleren in specifieke knaagdier- en insectivoorgastheren. In Nederland is de circulatie van drie typen orthohantavirussen aangetoond in wilde knaagdieren: in rosse woelmuizen (*Myodes glareolus*) is puumala-virus (PUUV) gevonden, in veldmuizen (*Microtus arvalis*) tulavirus (TULV) en in bruine ratten (*Rattus norvegicus*) is Seoul-virus (SEOV), voor het eerst in 2015, beschreven.[53] In gehouden ratten, zowel voederratten als tamme ratten, is SEOV ook aangetoond.[54] In andere Europese landen circuleren nog andere orthohantavirussen, zoals in onder meer Oost-Duitsland het Dobrava-Belgradevirus (DOBV, vier verschillende genotypen met allemaal hun eigen specifieke gastheer). De meerderheid van de humane gevallen in Europa wordt veroorzaakt door PUUV.[55] Geïnfecteerde gastheren scheiden het virus uit via feces, urine en speeksel. Uitscheiding van PUUV is mogelijk tot minimaal acht maanden na besmetting.[56] Mensen kunnen besmet raken door het inademen van virusdeeltjes in opdwarrelend stof met excreta van besmette dieren.

Orthohantavirussen kunnen twee verschillende ziektebeelden veroorzaken bij de mens: hemorragische koorts met renaal syndroom (HKRS) in Europa en Azië en orthohantavirus (cardio) pulmonaal syndroom (HPS) in Amerika. Het belangrijkste klinische syndroom in Nederland is nefropathia epidemica (NE), een milde vorm van HKRS die wordt veroorzaakt door PUUV. Een belangrijk punt bij de diagnostiek voor PUUV en andere milde orthohantavirus-infecties is dat de viremische fase erg kort is en de titer van het virus vaak laag. Hierdoor kan het virus of zijn RNA gemist worden, en men is daarom aangewezen op serologie. Orthohantavirus-diagnostiek kan bij het RIVM, LabMicTA en Erasmus MC worden uitgevoerd. Orthohantavirus-infecties zijn meldingsplichtig in Nederland sinds december 2008 (zie paragraaf 2.2).

2.14.1 Orthohantavirus-infecties bij mensen

In 2020 werden zeventien patiënten met orthohantavirus-infecties gemeld, wat lager is dan het gemiddelde aantal meldingen in 2015-2019 (gemiddeld 35 met een spreiding van 10-46 meldingen) (Figuur 2.14.1). In 2020 waren meldingen afkomstig uit acht verschillende GGD-regio's. Het merendeel werd gemeld door GGD-regio Brabant Zuid-Oost (n=7) en GGD-regio Twente (n=3). Dit zijn bekende endemische gebieden voor orthohantavirus. In 2020 werd naar verhouding wel minder gemeld door GGD-regio Twente (18% van het totaal aantal orthohantavirus-meldingen) ten opzichte van 2015-2019 (39% van het totaal). De eerste ziektedagen lagen verspreid over het jaar. Het betrof dertien vrouwen en vier mannen met een mediane leeftijd van 56 jaar (spreiding: 21-76 jaar). Net als voorgaande jaren was het merendeel opgenomen in het ziekenhuis (n=15, 88%). Bij geen van hen was nierdialyse nodig. Zoals gebruikelijk hadden vrijwel alle patiënten (n=16, 94%) de infectie opgelopen in Nederland. Eén patiënt had de infectie waarschijnlijk opgelopen in Ethiopië. Patiënten die de infectie opliepen in Nederland hadden als waarschijnlijke bron van besmetting het (schoonvegen van) een ruimte die lange tijd leegstond, zoals een schuur, kelder, zolder of stal, of het opruimen van muizenuitwerpselen. In 2020 werd één patiënt gediagnosticeerd met SEOV, die de infectie had opgelopen via huisdierratjes. Deze ratjes zijn ook positief getest voor SEOV. In 2016 werd voor het eerst een autochtone infectie met Seoul-orthohantavirus vastgesteld bij een man die de infectie zeer waarschijnlijk opgelopen had via contact met ratten die hij hield als voer voor zijn reptielen. In 2017 werden nog eens drie patiënten met SEOV gediagnosticeerd, waarvan twee waarschijnlijk door voederraten en de derde door ratten die als huisdier werden gehouden. In 2018 werd een vijfde patiënt met SEOV gediagnosticeerd die de ziekte opliep na contact met twee ratten die als huisdier werden gehouden. In 2019 werd geen patiënt met SEOV gemeld. Opvallend is dat alle SEOV-patiënten een leverontsteking hadden doorgemaakt, wat duidelijk afwijkt van de PUUV-patiënten.

Figuur 2.14.1 Het aantal Orthohantavirus infecties bij mensen per jaar (Bron: RIVM).

2.14.2 Orthohantavirus bij dieren

In 2020 zijn drie tamme ratten op SEOV onderzocht naar aanleiding van een humane patiënt. Deze waren alle drie positief met zowel serum als urine. De ratten zijn daarna geëuthanaseerd.
Daarnaast is in 2020 bij het RIVM één bever getest op orthohantavirus. Deze was negatief. Ten slotte zijn wilde bruine ratten gevangen, die in 2021 nog op orthohantavirus getest zullen worden.

2.15 Psittacose en andere chlamydia-infecties van dierlijke oorsprong

Ingrid Keur, Daphne Reukers, Frederika Dijkstra, Edou Heddema, Margreet te Wierik, Joke van der Giessen, Mauro De Rosa, Marloes Heijne

Psittacose is een respiratoire infectie met een variabele presentatie, veroorzaakt door *Chlamydia psittaci*.
De infectie kan symptoomloos verlopen, maar kan zich ook uiten als griepachtig ziektebeeld met koorts, hevige hoofdpijn, spierpijn, hoesten, rilleriheid en zweten. Ook kan het zich presenteren in ernstige vorm als pneumonie of als een septisch ziektebeeld met multi-orgaanfalen. Psittacose wordt ook wel ornithose of papegaaienziekte genoemd en is humaan en veterinair meldingsplichtig, veterinair alleen bij vogels met uitzondering van pluimvee (zie paragraaf 2.2).
Het genus *Chlamydia* werd in 1999 opgedeeld in twee genera, *Chlamydia* en *Chlamydophila*, maar sinds 2015 is deze opsplitsing weer ongedaan gemaakt.[57,58]

2.15.1 Humane situatie

Het aantal meldingen van psittacose in 2020 bedroeg 94. Dit aantal is een behoorlijke toename ten opzichte van het gemiddelde in de afgelopen vijf jaar (63) (Figuur 2.15.1). Deze toename hangt samen met een verheffing van het aantal meldingen in het najaar en de winter van 2019/2020, die in de *Staat van Zoönosen 2019* al is beschreven (Hoofdstuk 3 (pag. 69)[59]). De mediane leeftijd van de patiënten in 2020 was 67 jaar en daarmee vergelijkbaar met 2018 en 2019 (65 jaar) (Tabel 2.15.1).
Evenals in voorgaande jaren werden de meeste patiënten opgenomen in het ziekenhuis (95%). Dit hangt overigens samen met het feit dat doorgaans alleen bij meer ernstig zieke patiënten gestreefd wordt naar een etiologische diagnose (met laboratoriumdiagnostiek) en/of wanneer de empirische behandeling niet aanslaat. De gemelde patiënten zijn wat betreft ernst dus een selectieve groep ('topje van de ijsberg'). In 2020 zijn ook vier patiënten overleden, wat opvallend is, omdat er in 2016 voor het laatst één psittacose-gerelateerde sterfte is gemeld. (Bron: Osiris).

Figuur 2.15.1 Aantal meldingen van psittacose naar jaar en methode van laboratoriumdiagnostiek (Bron: Osiris).

2.15.1.1 *Diagnostiek*

In 2020 werd bij bijna alle gemelde patiënten (96%) de diagnose gesteld met PCR (Tabel 2.15.1). Dit is gunstig, want met PCR kan de diagnose sneller gesteld worden dan met behulp van serologische diagnostiek. Bij serologische diagnostiek is volgens de huidige meldingscriteria een meervoudige titerstijging vereist en is dus tweemaal bloedafname met een tussenpoos van enkele weken nodig. Snellere diagnostiek, zoals met PCR, kan de bronopsporing bevorderen en is positief voor de patiënt, omdat de juiste antibioticumbehandeling daarmee mogelijk eerder ingezet kan worden. Op materiaal van patiënten bij wie de diagnose gesteld is met behulp van PCR kan bovendien genotypering uitgevoerd worden.

2.15.1.2 *Genotypering*

Om meer zicht te krijgen op de genotypen van *C. psittaci* die een rol spelen bij transmissie naar de mens, kan sinds eind augustus 2012 op diagnostisch materiaal van psittacosepatiënten genotypering gedaan worden in het ZuyderlandMC in Sittard Geleen/Heerlen.
De genoyperingsmethode (OmpA-genotypering) kan minstens negen genotypen van *C. psittaci* onderscheiden (A tot en met F, E/B, M56 en WC) die een min of meer vogelsoortafhankelijk voorkomen hebben. In 2020 ontving Zuyderland MC materiaal van 76 van de 90 patiënten (84%) van wie geschikt diagnostisch materiaal beschikbaar was, dat wil zeggen degenen bij wie de diagnose vastgesteld was met PCR (Tabel 2.15.2).
Net als in de voorgaande jaren kwamen genotype A (voornamelijk, maar niet uitsluitend, geassocieerd met papegaaiachtigen) en genotype B (geassocieerd met duiven) het meest voor, namelijk in respectievelijk 43% en 30% van de gevallen. Verder toonde de genotypering bij drie patiënten een relatief nieuw *C. psittaci*-genotype

aan, vergelijkbaar met genotype B en E, en bij twee patiënten een onbekend *C. psittaci*-genotype, meest gelijkend op genotype A (één SNP verschil). Daarnaast kunnen nauw verwante Chlamydia-species via de typering herkend worden. Op die manier werden in 2020 één patiënt met een *C. caviae*-infectie en één met *C. abortus*-infectie aangetoond (een andere zoönotische Chlamydiasoort, zie paragraaf 2.15.3 voor meer uitleg).

2.15.1.3 *Besmettingsbronnen*

Bij 82 van de 94 (87%) meldingen werd door de GGD tenminste één mogelijke locatie van besmetting gerapporteerd, bij de overige meldingen bleef een mogelijke bron onbekend. De thuissituatie was in 2020 net als in voorgaande jaren de meest gerapporteerde mogelijke locatie van besmetting (Tabel 2.15.3).
Er waren in 2020 geen locaties die aanzienlijk vaker of minder vaak werden gerapporteerd dan in 2019.
Bij zeventig meldingen (85%) was minimaal één diersoort gerapporteerd als mogelijke besmettingsbron. Duiven (56%) en papegaaiachtigen (29%) waren in 2020 de meest gerapporteerde vogelsoorten. Ook overige wilde vogels werden vaak als mogelijke bron gerapporteerd (50%).

Tabel 2.15.1 Demografische, klinische en diagnostische gegevens van in Osiris gemelde psittacosepatiënten.[a]

Jaar (aantal meldingen)[b]	Incidentie (per 100.000)	Mediane leeftijd in jaren (1e en 3e kwartiel)	Aantal mannen[b]	Aantal besmet in het buitenland[b]	Ziekenhuis-opname[b]
2020 (n=94)	0,54	67 (57 - 75)	70 (74)	1 (1)	89 (95)
2019 (n=91)	0,53	65 (50 - 74)	71 (78)	3 (3)	86 (94)
2018 (n=64)	0,37	65 (56 – 72)	50 (78)	1 (2)	58 (91)
2017 (n=52)	0,30	55 (39 - 69)	27 (52)	0	44 (85)
2016 (n=60)	0,35	58 (45 - 71)	48 (80)	4 (7)	49 (82)
2015 (n=47)	0,28	57 (41 - 68)	32 (68)	0	37 (79)
2014 (n=41)	0,24	58 (47 - 71)	32 (78)	1 (2)	38 (93)
2013 (n=54)	0,32	59 (43 - 70)	36 (67)	2 (4)	41 (76)
2012 (n=45)	0,27	57 (45 - 65)	28 (62)	1 (2)	32 (71)
2011 (n=70)	0,42	59 (51 - 70)	49 (70)	0	52 (74)
2010 (n=73)	0,44	59 (48 - 66)	50 (69)	3 (4)	53 (74)

Jaar (aantal meldingen)[b]	Aantal overleden[b]	Mediane diagnostische vertraging in dagen (1e en 3e kwartiel)[c]	Diagnostiek toegepast bij de gemelde patiënten:		
			PCR[b,d]	Serologisch[b]	Geen[b]
2020 (n=94)	4 (4)	8 (6 - 12)	90 (96)	4 (4)	0
2019 (n=91)	0	10 (7 - 14)	89 (98)	2 (2)	0
2018 (n=64)	0	9 (6 - 12)	61 (95)	3 (5)	0
2017 (n=52)	0	11 (7 -27)	44 (85)	6 (12)	2 (4)
2016 (n=60)	1 (2)	9 (6 - 14)	51 (85)	9 (15)	0
2015 (n=47)	1 (2)	11 (8 - 14)	34 (72)	13 (28)	0
2014 (n=41)	1 (2)	12 (7 - 21)	27 (66)	14 (34)	0
2013 (n=54)	0	18 (9 - 29)	32 (59)	22 (41)	0
2012 (n=45)	0	28 (11 - 45)	13 (29)	32 (71)	0
2011 (n=70)	2 (3)	19 (11 - 41)	33 (47)	37 (53)	0
2010 (n=73)	0	32 (21 - 50)	7 (10)	66 (90)	0

a Datum waarnaar de meldingen zijn ingedeeld = datum eerste ziektedag, of, indien deze ontbreekt, datum van melding of datum van laboratorium-bevestiging (afhankelijk van welke van datum eerst was). Van enkele meldingen ontbreekt de betreffende informatie.
b Aantal positieven (% van totaal). Percentages zijn gebaseerd op het aantal patiënten waarbij de specifieke informatie beschikbaar was.
c Diagnostische vertraging is berekend als het aantal dagen tussen eerste ziektedag en datum laboratoriumuitslag. Negatieve vertraging en vertraging van meer dan één jaar zijn geëxcludeerd.
d PCR= 'alleen PCR' of 'combinatie van PCR en serologische bevestiging'.

Tabel 2.15.2 Resultaten genotypering.[a]

Jaar	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020
Aantal patiënten die in aanmerking kwamen voor genotypering	33	28	36	51	44	61	89	90
Gemelde patiënten van wie materiaal voor genotypering is ontvangen bij het Zuyderland MC	31 (94)	24 (86)	30 (83)	37 (73)	36 (82)	55 (90)	75 (82)	76 (84)
Typeringsuitkomsten								
C. psittaci genotype A:	16 (52)	9 (38)	11 (37)	12 (32)	11 (31)	19 (35)	36 (48)	33 (43)
C. psittaci genotype B:	11 (36)	11 (46)	9 (30)	13 (35)	13 (36)	13 (24)	19 (25)	23 (30)
C. psittaci genotype C:	0	1 (4)	2 (7)	1 (3)	0	1 (2)	2 (3)	0
C. psittaci genotype E/B:	0	1 (4)	2 (7)	0	0	0	0	0
Onbekend *C. psittaci* genotype meest gelijkend op genotype A (1 SNP verschil)	0	0	0	0	0	0	2 (3)	2 (3)
Nieuw *C. psittaci* genotype meest gelijk aan C (93% homologie)	0	1 (4)	0	0	2 (6)	0	0	0
Onbekend *C. psittaci* genotype, met kenmerken van B en E	0	0	1 (3)	2 (5)	0	3 (5)	5 (7)	3 (4)
Negatief voor alle genotypes van *C. psittaci*	2 (7)	1 (4)	2 (7)	7 (19)	8 (22)	3 (5)	2 (3)	4 (5)
Waarvan verdere diagnostiek uitwees								
C. caviae	1 (3)	1 (4)	1 (3)	0	2 (6)	2 (4)	2 (3)	1 (1)
C. felis			1 (3)		0		0	0
C. abortus								1 (1)
Geen bepaling mogelijk	2 (7)	0	3 (10)	2 (5)	2 (6)	16 (29)	9 (12)	11 (12)

a In de tabel is aantal patiënten dat in aanmerking kwam voor genotypering (berekend als de som van het aantal met PCR bevestigde patiënten en het aantal patiënten van wie materiaal voor genotypering was ontvangen ondanks dat gerapporteerd was dat de diagnose op basis van serologische diagnostiek gesteld was) gebruikt als noemer om de percentages te berekenen.

Tabel 2.15.3 Mogelijke bronnen van besmetting, gerapporteerd bij humane meldingen van psittacose (Bron: Osiris).

Locaties	2013 n (%)[a]	2014 n (%)[a]	2015 n (%)[a]	2016 n (%)[a]	2017 n (%)[a]	2018 n (%)[a]	2019 n (%)[a]	2020 n (%)[a]
Thuissituatie	34 (85)	22 (79)	28 (70)	47 (85)	39 (85)	33 (55)	63 (81)	70 (85)
Vogelopvang	-	2 (7)	7 (18)	3 (5)	2 (4)	2 (3)	2 (3)	1 (1)
Vogel- of dierenwinkel/-handel	5 (13)	2 (7)	0	7 (13)	3 (7)	12 (20)	11 (14)	9 (11)
Vogelmarkt of -show	5 (13)	1 (4)	3 (8)	10 (18)	3 (7)	13 (22)	5 (6)	3 (4)
Overige	1 (3)	2 (7)	6 (15)	7 (13)	13 (28)	19 (31)	18 (23)	13 (16)
Buitenland	3 (8)	1 (4)	0	2 (4)	0	1 (2)	4 (5)	1 (1)
Onbekend/ niet gerapporteerd	11	13	7	5	6	4	13	12
Diersoorten								
Duiven	13 (41)	9 (36)	10 (45)	23 (51)	27 (61)	23 (44)	26 (38)	39 (56)
Papegaaiachtigen	10 (31)	14 (56)	9 (41)	20 (44)	20 (45)	23 (44)	27 (39)	20 (29)
Pluimvee	5 (16)	1 (4)	4 (18)	6 (13)	11 (25)	3 (6)	15 (22)	5 (7)
Overige vogelsoorten[b]	4	4 (16)	5 (23)	12 (27)	21 (47)	33 (63)	34 (49)	35 (50)
Overige diersoorten[c]	2 (6)	2 (8)	0	0	8 (18)	1 (2)	6 (9)	11 (16)
Onbekend/ niet gerapporteerd[d]	19	16	25	15	8	11	22	12

a Per patiënt kunnen meerdere waarschijnlijke bronnen (locaties en vogelsoorten) gerapporteerd worden, waardoor de aantallen niet optellen tot het totaal aantal meldingen. Percentages zijn berekend ten opzichte van meldingen waarin een mogelijke bron werd gerapporteerd.
b Inclusief 'diverse vogelssoorten, niet gespecificeerd'.
c Cavia's, katten, konijnen, vee (schapen, koeien, geiten).
d Aantal meldingen waarbij geen enkele diersoort als mogelijke bron wordt genoemd (indien bij een melding voor 1 bronlokatie wel een vogelsoort wordt genoemd en voor een andere mogelijke bronlokatie niet, dan is deze melding niet meegerekend als 'onbekend/niet gerapporteerd').

2.15.1.4 *Bemonsteringsresultaten*

In overleg tussen de NVWA en de GGD wordt bekeken of er aanknopingspunten zijn voor bemonstering van mogelijke bronlocaties en wordt besloten of dit wel of niet relevant en haalbaar is. Naar aanleiding van 33 humane meldingen werd bronbemonstering verricht door de NVWA. Het betrof 37 mogelijke bronlocaties. Veertien mogelijke bronlocaties testten positief (38%). Bij dertien locaties werd genotypering van *C. psittaci*-positief materiaal uit veterinaire monsters verricht. Negen positief geteste locaties hadden een genotypische match met materiaal van de bijbehorende patiënt(en). Bij twee locaties ging het om genotype A en bij zeven locaties ging het om genotype B. Er was geen locatie waar sprake was van een genotypische mismatch met materiaal van de bijbehorende patiënt. Verder was er bij vier locaties geen genotypische vergelijking mogelijk, doordat er bij ZuyderlandMC geen materiaal van de bijbehorende patiënt was ontvangen of genotypering van het monster was niet mogelijk. Voor 31 van de in totaal 94 gemelde patiënten (33%) gaf de GGD als eindconclusie aan dat een waarschijnlijke bron kon worden aangewezen. Dit impliceert dat naar het oordeel van de GGD de bronopsporing bij ongeveer een derde van de patiënten succesvol is geweest.

2.15.2 *Chlamydia psittaci* bij dieren

De meldingsplicht voor psittacose volgens de Gezondheids- en welzijnswet voor dieren (Gwwd) geldt voor vogels niet zijnde pluimvee. Deze veterinaire meldingen bij vogels komen bij de NVWA binnen via dierenartspraktijken, veterinaire laboratoria of vogelhouders. In 2017 en 2018 is dit aantal meldingen opvallend gedaald, terwijl het aantal humane meldingen toenam (Figuur 2.15.2). Dit jaar (2020) is het aantal veterinaire meldingen weer gestegen. In 2020 zijn 36 veterinaire meldingen bij de NVWA binnengekomen met betrekking tot psittacose, waaronder klinisch zieke vogels (12), positieve laboratoriumuitslagen van vogels (21) en monitoring in het kader van import en export (3).

Vogels die erg ziek zijn of die positief testen, mogen zonder voorafgaande bemonstering door de NVWA meteen door een dierenarts behandeld worden met een antibioticum. De NVWA doet in deze gevallen een nacontrole op twee weken na het beëindigen van de behandeling.
Van de 36 veterinaire meldingen werd 28 maal de locatie door de NVWA bezocht en zijn de verdachte vogels bemonsterd, waarbij cloacaswabs en/of mestmonsters zijn genomen. In veertien gevallen was de verdachte vogel nog niet behandeld met een antibioticum en bij negen van deze gevallen werd *C. psittaci* DNA aangetoond. Bij veertien andere meldingen was er door de praktijkdierenarts bij de verdachte vogels reeds een behandeling met een antibioticum ingezet. De NVWA heeft bij de nacontrole in twee gevallen alsnog met PCR de bacterie aangetoond. Er is vervolgens een nieuwe behandelronde ingezet met opnieuw nacontrole door de NVWA.
Genotypering van het *C. psittaci*-positief materiaal uit veterinaire NVWA-monsters per locatie (elf) toonde zevenmaal genotype A aan en viermaal kon in het monster geen genotype worden bepaald.
De overige acht locaties van de 36 veterinaire meldingen heeft de NVWA niet bezocht. In drie gevallen bleek de vogel reeds te zijn overleden. De NVWA heeft materiaal van twee overleden vogels ingestuurd naar het veterinair referentielaboratorium en er werd geen DNA van de bacterie aangetoond. In drie andere gevallen zijn monsters via de dierenartspraktijk ingestuurd en werd er ook geen DNA van de bacterie aangetoond. En in twee gevallen heeft de NVWA besloten geen nader onderzoek te doen.

De NVWA probeert voor een recent aangekochte positieve vogel de herkomstlocatie te traceren en deze locatie te bezoeken. Dit is niet altijd mogelijk door het ontbreken van een verplichte registratie en identificatie van de meeste soorten vogels. Er is in 2020 één casus geregistreerd in verband met tracering. Op deze locatie werd geen DNA van de bacterie aangetoond.

Figuur 2.15.2 Aantal meldingen van psittacose binnengekomen bij de NVWA (Bron: NVWA).

Naast de veterinaire meldingen ontving de NVWA ook meldingen van de GGD waarbij de NVWA verzocht werd bronopsporing uit te voeren om de bron van een humane besmetting te achterhalen. De resultaten staan beschreven onder 2.15.1.4. Daarnaast heeft de NVWA één melding van een dierenarts binnengekregen van een persoon die ziek zou zijn geworden na contact met vogels. De diagnose psittacose was bij de humane

patiënt ten tijde van de melding niet met laboratoriumdiagnostiek bevestigd, maar de NVWA heeft uit voorzorg wel de aanwezige vogels onderzocht. Bij deze vogels werd *C. psittaci* aangetoond.

2.15.3 Andere mogelijk zoönotische *Chlamydia*-soorten

In Nederland waren tot 1 juli 2020 (mogelijk) zoönotische *Chlamydia*-soorten anders dan *C. psittaci*, zoals *C. abortus*, *C. caviae* en *C. felis*, niet meldingsplichtig bij zowel mens als dier (zie paragraaf 2.2). Deze kunnen met de huidige diagnostische testen die gebruikt worden in de meeste medische microbiologische laboratoria (PCR, serologie) meestal wel opgepikt, maar niet onderscheiden worden. De aanvullende diagnostische testen die nodig zijn om hier onderscheid in te maken zijn slechts in een beperkt aantal laboratoria beschikbaar. De gerapporteerde patiënten met *Chlamydia* spp. van dierlijke oorsprong anders dan *C. psittaci* moeten beschouwd worden als casussen die toevalligerwijs aan het licht zijn gekomen als 'bijvangst' van de psittacosesurveillance en -bestrijding.

De afgelopen twintig jaar is er een toename geweest van het aantal verschillende bekende *Chlamydia*-soorten. Enerzijds door het opsplitsen van *C. psittaci* in *C. abortus*, *C. caviae*, *C. felis* en *C. psittaci*. Anderzijds door de ontdekking van nieuwe soorten. Op dit moment bestaat het genus *Chlamydia* uit veertien soorten: *C. abortus*, *C. psittaci*, *C. avium*, *C. gallinacea*, *C. buteonis*, *C. Caviae*, *C. Felis*, *C. Muridarum*, *C. Pecorum*, *C. pneumoniae*, *C. poikilothermis*, *C. serpentis*, *C. Suis* en *C. Trachomatis*. Er staan nog vier nieuwe soorten als kandidaat in de wachtrij (*C. ibidis*, *C. sanzinia, C. corallus*, *C. testudinis*).[60] De ontwikkeling van betere moleculaire technieken heeft een belangrijke bijdrage geleverd aan deze nieuwe ontdekkingen. Het valt ook niet uit te sluiten dat er in de nabije toekomst nog meer nieuwe soorten worden toegevoegd. Van veel nieuwe soorten is nog onbekend of ze zoönotisch zijn, omdat er simpelweg nog geen onderzoek naar is gedaan. Onderstaand een beknopte samenvatting van de *Chlamydia*-soorten waar het meest over bekend is. Deze lijst is dus niet volledig.

Chlamydia abortus komt voor bij kleine herkauwers waarbij het een belangrijke oorzaak is van infectieuze abortus. Bij mensen kan een infectie met *C. abortus* leiden tot ernstige ziekte (pneumonie) en miskramen bij zwangere vrouwen. Hoewel veel Nederlandse schapen- en geitenbedrijven besmet zijn, wordt *C. abortus* zelden bij mensen gediagnosticeerd. Het wordt beschouwd als een zoönose met een verwaarloosbaar risico voor de volksgezondheid.[61]

Chlamydia caviae kan bij cavia's leiden tot conjunctivitis. Bij een beperkt aantal mensen in Nederland met longontsteking (zeven sinds 2013) is een infectie met *C. caviae* beschreven.[62] Omdat *C. caviae* tot 1999 geen aparte species was, maar *C. psittaci* werd genoemd, is het niet aan te geven of longontstekingen door *C. caviae* in het verleden zijn benoemd als psittacose.

Van de sinds 2014 erkende soorten *C. avium* (voorkomend bij papegaaiachtigen en duiven) en *C. gallinacea* (voorkomend bij kippen, kalkoenen, hoenderachtigen en eenden) is nog niet uitgesloten dat ze zoönotisch zijn. Beide soorten zijn in Nederland aangetoond.[63] Een complicerende factor om vast te stellen of beide soorten een zoönotisch potentieel hebben, is dat binnen de huidige humane diagnostiek *C. avium* en *C. gallinacea* gemist worden met de doorgaans gebruikte PCR-testen.

C. felis is een belangrijke oorzaak van conjunctivitis bij katten, maar ziektegevallen bij mensen zijn zeldzaam.[64] Eind 2017 is via de psittacosesurveillance in Osiris een humane casus van *C. felis* gemeld. Deze casus werd in de *Staat van Zoönosen 2017* uitgebreider beschreven.

C. muridarum wordt gebruikt in muismodellen voor humane *C. trachomatis*-infecties. Het kan respiratoire klachten veroorzaken bij muizen en hamsters en is voor zover bekend niet zoönotisch.[65]

C. suis komt vooral asymptomatisch bij varkens voor, maar wordt ook gerelateerd aan onder andere conjunctivitis en vruchtbaarheidsstoornissen.[64] Van *C. suis* zijn geen beschrijvingen of literatuurreferenties bekend die duiden op een mogelijk zoönotisch potentieel, maar er is tot nu toe relatief weinig onderzoek naar gedaan. Een onderzoek bij slachthuismedewerkers toonde *C. suis* aan in conjunctiva-*swabs*, maar zonder een link met ziekte.[66]

C. pecorum komt net als *C. suis* veelal asymptomatisch voor bij zowel varkens, herkauwers en koala's, *C. pecorum* kan echter ook tot klinische verschijnselen leiden, waaronder conjunctivitis en urogenitale stoornissen, met onvruchtbaarheid tot gevolg.[64] *C. pecorum* wordt beschouwd als niet-zoönotisch.

2.16 Q-koorts

Frederika Dijkstra, Ingrid Keur, Daphne Reukers

Q-koorts wordt veroorzaakt door *Coxiella burnetii*. Herkauwers, zoals schapen en geiten, zijn de voornaamste bron voor humane infectie. Tijdens de lammerperiode scheiden geïnfecteerde moederdieren de bacteriën in grote hoeveelheid uit via vruchtwater en placenta. De dieren zelf vertonen meestal geen symptomen, hoewel vruchtbaarheidsproblemen en abortus kunnen optreden. Er zijn twee morfologische varianten bekend van deze bacterie, die verschillen in metabole activiteit en mogelijkheid om in de omgeving te overleven. De kleincellige variant is een spore-achtige extracellulaire vorm die metabool inactief is. Dit is de vorm die zeer lang kan overleven in de omgeving, zoals in en rond stallen, weilanden, ruwe wol, huiden en kleding, en via de lucht wordt verspreid. Infecties kunnen opgelopen worden na inhalatie van de kleincellige variant. De grootcellige variant daarentegen is de metabool actieve vorm waarin de bacterie zich vermenigvuldigt in cellen (vooral macrofagen en trofoblasten), nadat de infectie heeft plaatsgevonden. Naast de twee morfologische varianten vertoont *C. burnetii* ook antigene variatie, op basis van verschillen van LPS (oppervlakte-lipopolysaccharide), die van belang is voor de serologische differentiatie tussen acute en chronische Q-koorts. Verschillende expressies van LPS vormen de basis van het onderscheid tussen fase I- en fase II-antigenen. Na infectie met *C. burnetii* verlopen de meeste gevallen asymptomatisch. Bij personen waarbij wel klinische klachten optreden, variëren de klachten tussen mild griepachtig tot een ziekte met ernstiger beloop. Bij een ernstiger verloop treden meestal pneumonie of hepatitis op, maar aangezien Q-koorts een gegeneraliseerde infectieziekte is met verspreiding via bloed, kunnen symptomen zich vanuit alle orgaansystemen voordoen. Een klein percentage (ongeveer 2%) van de geïnfecteerden ontwikkelt chronische Q-koorts, een ernstig ziektebeeld met voornamelijk cardio-vasculaire pathologie. Ook kan infectie leiden tot het Q-koorts-vermoeidheidssyndroom.

2.16.1 Humane meldingen

In 2020 werden zeven patiënten met acute Q-koorts gemeld in Osiris. Dit aantal is lager dan het aantal meldingen in de jaren 2013-2019, waarin jaarlijks veertien tot 26 patiënten gemeld werden (Figuur 2.16.1). Evenals in voorgaande jaren was het merendeel van de patiënten man (86%). De mediane leeftijd was 48 jaar (Tabel 2.16.1). Twee patiënten hadden de ziekte waarschijnlijk in het buitenland opgelopen. In 2020 zijn er geen geografische clusters gemeld en brononderzoek door de GGD in nauw contact met de NVWA heeft verder geen concrete bron(en) opgeleverd.

Figuur 2.16.1 Aantal meldingen van acute Q-koorts per jaar (Bron: Osiris).

Tabel 2.16.1 Demografische, klinische en diagnostische gegevens van in Osiris gemelde Q-koorts patiënten (Bron: Osiris).

Jaar	Aantal meldingen[a]	Incidentie per 100.000 inwoners	Mediane leeftijd in jaren (1e en 3e kwartiel)	Aantal mannen (%)[b]	Aantal besmet in het buitenland (%)[b]	Ziekenhuis-opname (%)[b]
2020	7	0,04	48 (37 – 56)	6 (86)	2 (29)	5 (71)
2019	18	0,10	62 (49 - 68)	15 (83)	4 (27)	12 (71)
2018	18	0,10	50 (40 – 71)	15 (83)	3 (17)	15 (83)
2017	22	0,13	53 (28 – 64)	16 (73)	8 (36)	13 (59)
2016	14	0,08	49 (30 - 66)	11 (79)	3 (21)	7 (50)
2015	20	0,12	58 (39 - 70)	9 (45)	2 (10)	12 (60)
2014	26	0,15	57 (39 - 70)	21 (81)	5 (19)	17 (65)
2013	20	0,12	52 (39 - 64)	13 (65)	3 (15)	15 (75)
2012	63	0,38	52 (43 - 64)	48 (76)	5 (8)	33 (52)
2011	77	0,46	50 (40 - 64)	49 (64)	6 (8)	42 (55)
2010	411	2,48	49 (39 - 59)	220 (54)	8 (2)	96 (24)
2009	2.424	14,70	49 (38 - 59)	1.477 (61)	5 (<1)	467 (20)
2008	1.003	6,11	50 (41 - 59)	643 (64)	9 (<1)	204 (21)

a Datum waarop de meldingen ingedeeld zijn = datum eerste ziektedag, of, indien deze ontbreekt, datum van melding of datum van laboratoriumbevestiging (afhankelijk van welke van de data het eerst beschikbaar was).
b Aantal positieven (% van totaal). Percentages zijn gebaseerd op het aantal patiënten waarbij de specifieke informatie beschikbaar was.

In Nederland bestaat geen systematische surveillance van sterfgevallen ten gevolge van Q-koorts. In de Osiris-database worden alleen patiënten met acute Q-koorts gemeld. Als op het moment van melden bekend is dat het om een overleden patiënt gaat met acute Q-koorts, wordt dit gerapporteerd in Osiris. In 2020 zijn er geen overlijdens gerapporteerd in Osiris. Het merendeel van de sterfgevallen zullen echter patiënten zijn met chronische Q-koorts. Een betere schatting van het aantal sterfgevallen is beschikbaar vanuit de landelijke database die beheerd wordt door onderzoekers vanuit het UMC Utrecht, het Radboudumc en het Jeroen Bosch-ziekenhuis. Q-koorts-experts van die ziekenhuizen hebben op basis van de database vastgesteld dat de afgelopen tien jaar 95 patiënten zeker of waarschijnlijk aan Q-koorts zijn overleden. Daarvan zijn 86 patiënten overleden aan de gevolgen van chronische Q-koorts en negen aan acute Q-koorts.

Evenals in voorgaande jaren was het aantal diagnoses van *Coxiella burnetii* in de virologische weekstaten (n=53) in 2020 hoger dan het aantal meldingen in Osiris. Deze discrepantie werd ook in voorgaande jaren gezien. De meest waarschijnlijke verklaring voor het verschil in aantallen in beide surveillancesystemen is dat de Osiris-meldingen alleen acute Q-koortspatiënten betreffen, waarbij sprake moet zijn van koorts, pneumonie of hepatitis in combinatie met een positieve laboratoriumuitslag. De virologische weekstaten bevatten daarentegen ook positieve laboratoriumresultaten van patiënten die mogelijk in het verleden infecties hebben doorgemaakt en die bijvoorbeeld getest werden om chronische Q-koorts uit te sluiten. Daarbij zijn dan wel aanwijzingen voor een eerder doorgemaakte acute Q-koorts-infectie gevonden, maar geen passend klinisch beeld, waardoor het niet in Osiris gemeld is. Een verhoogd aantal *C. burnetii*-diagnoses in de virologische weekstaten na de Q-koorts-epidemie is daarom niet onverwacht.

2.16.2 Q-koorts veterinair

Alle schapen en geiten van door de wet aangewezen schapen- en geitenmelkbedrijven en alle bedrijven die voldoen aan de definitie van publieksbedrijf, moeten elk jaar verplicht worden gevaccineerd tegen Q-koorts door de houder. Volgens de Gwwd zijn onderzoeks-instellingen, dierenhouders (ook hobbyhouders) en dierenartsen verplicht verdenkingen van Q-koorts te melden bij de NVWA. Een afwijkend aantal abortussen (verwerpers) bij schapen en geiten is, volgens de Gwwd, meldingsplichtig (zie paragraaf 2.2). De NVWA heeft in 2020 geen meldingen ontvangen van toegenomen abortus bij kleine herkauwers.

Alle bedrijven met meer dan vijftig melkgeiten of -schapen zijn verplicht mee te doen aan het tankmelk-monitoringsonderzoek dat uitgevoerd wordt door de GD. Een positieve of dubieuze PCR-uitslag van de GD

wordt na bevestiging door WBVR aan de NVWA gemeld. De NVWA bezoekt hierna het bedrijf en neemt een ambtelijk tankmelkmonster, dat wordt onderzocht bij WBVR. Als bij WBVR wederom DNA van *Coxiella burnetii* in dit tweede melkmonster wordt aangetoond, wordt het bedrijf besmet verklaard. In 2020 heeft de NVWA geen meldingen van een positief tankmelkmonster ontvangen van de GD.
In 2016 heeft de NVWA het laatste door Q-koorts geblokkeerde bedrijf vrijgegeven, omdat onderzoek van de tankmelkmonsters een jaar lang negatief – dus vrij van *Coxiella burnetii* – verlopen was. Hiermee is de uitbraak 2007-2010 afgesloten.

Wanneer bij een humane patiënt met Q-koorts een mogelijk dierlijke bron kan worden aangewezen, verzoekt de GGD de NVWA om een brononderzoek uit te voeren. De NVWA onderneemt actie wanneer er tenminste twee patiënten zijn die aan een bepaalde locatie te linken zijn of wanneer er niet voldaan is aan de vaccinatieplicht. De GGD heeft in 2020 drie meldingen van humane patiënten gedaan aan de NVWA.
De patiënten hadden geen direct contact gehad met dieren. De NVWA heeft op verzoek van de GGD voor deze patiënten onderzocht of er aanwijzingen waren dat de dieren in de omgeving besmet waren met *C. burnetii*. Dit was niet het geval doordat bijvoorbeeld de dieren gevaccineerd waren en er, indien van toepassing, gunstige tankmelkmonitoringsuitslagen waren. Er is vervolgens door de NVWA in overleg met de GGD geen verdere actie op deze meldingen ondernomen.

2.17 Rabiës

Ingrid Keur, Phaedra Eble, Hans van den Kerkhof

2.17.1 Rabiës bij de mens

Rabiës (hondsdolheid) is een zoönotische infectieziekte overgedragen door zoogdieren met een mortaliteit van ongeveer 60.000 personen per jaar wereldwijd, van wie het merendeel in Azië en Afrika.[67] Het rabiësvirus behoort tot de groep lyssavirussen, waarvan zeventien verschillende typen door de ICTV zijn erkend, waaronder het klassiek rabiësvirus, met name voorkomend bij honden wereldwijd, en het European *bat lyssavirus* (EBLV), wat voorkomt bij vleermuizen in Europa.[68]
Naar verwachting hebben alle lyssavirussen één of meerdere vleermuissoorten als gastheer.
Op het moment dat er bij de mens symptomen worden waargenomen, heeft de ziekte bijna altijd een dodelijke afloop. De incidentie van humane rabiësinfectie in Nederland is erg laag. Sinds 1962 zijn slechts acht patiënten met rabiësinfectie beschreven.[69] Alle acht personen waren in het buitenland met het virus besmet. Het laatste geval was in 2014. Een Nederlandse vrouw werd in India door een hond gebeten. De vrouw had geen pre-expositieprofylaxe (PrEP) gekregen en na de hondenbeet niet de volledige post-expositieprofylaxe (PEP) gehad, waarna zij vervolgens in Nederland aan de infectie overleed.[70]

2.17.2 Rabiës bij dieren

In Nederland is het klassieke rabiësvirus geëlimineerd in wilde en gedomesticeerde dieren. Specifieke vleermuis-gerelateerde rabiësvirussen, *European Bat Lyssa Virus* (EBLV) 1 en 2, komen wel endemisch voor. In Nederland is besmetting met EBLV alleen aangetoond bij twee van de zeventien hier voorkomende vleermuissoorten, namelijk de laatvlieger (*Eptesicus serotinus*) en de meervleermuis (*Myotis dasycneme*).[71,72]

Het risico voor de mens op infectie met EBLV is erg klein; er zijn in de literatuur slechts zes gevallen in Europa beschreven. Desalniettemin wordt direct contact met vleermuizen ontraden. Bij een verwonding (krab, beet) door een vleermuis dient advies bij de GGD of huisarts ingewonnen te worden voor een eventuele post-expositiebehandeling.[71]

Sinds 1987 onderzoekt het WBVR uit Nederland ingestuurde vleermuizen. De prevalentie van EBLV-1 onder de Nederlandse onderzochte laatvliegerpopulatie (data van 1987-2017) is 23,6%. De onderzochte populatie betreft een selectie van zieke of dode dieren. De daadwerkelijke prevalentie van EBLV-1 in de laatvliegerpopulatie is hoogstwaarschijnlijk veel lager. De NVWA laat, door het Nationaal Referentielaboratorium (WBVR), sinds 2013 enkel vleermuizen onderzoeken die (vermoedelijk) in direct contact zijn gekomen met mensen. In 2020 betrof dit zeventien vleermuizen, waarvan er twee EBLV-1 bij zich droegen.

Daarnaast onderzoekt het Nationaal Referentie-laboratorium WBVR in het kader van surveillance meer vleermuizen op jaarbasis door middel van PCR. Dit zijn bijvoorbeeld zieke of dode gevonden vleermuizen, meestal ingezonden door een vleermuisopvangcentrum, waarbij er geen direct contact (intra/transdermaal) is geweest met mensen. In 2020 betrof dit in totaal 21 vleermuizen; bij drie werd EBLV-1 aangetoond.

Naast vleermuizen worden ieder jaar door de NVWA ook enkele andere zoogdieren voor rabiësonderzoek naar het WBVR-Referentielaboratorium ingezonden. Dit betreft meestal een klinische verdenking bij een recent geïmporteerd gezelschapsdier uit een rabiës-endemisch land waarbij soms sprake is van een bijtincident met een persoon.

Tabel 2.17.1 Rabiës: aantal positieve bevindingen (directe IFT) en onderzochte dieren naar aanleiding van een verdenking bij de NVWA.[a]

Diersoort	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020
Vleermuizen	14/205	4/36	3/21	5/28	9/26	9/24	2/20	5/55	5/38
Vossen	0/4	0/1	0/0	0/2	0/4	0/2	0/0	0/0	0/1
Honden	1[b]/8	0/6	0/3	0/8	0/7	0/6	0/6	0/2	0/5
Katten	0/14	0/4	0/4	0/6	0/10	0/3	0/4	0/7	0/3
Andere diersoorten	0/2	0/1	0/0	0/5	0/0	0/1	0/1	0/0	0/0

a WHO gegevens (*http://www.who-rabies-bulletin.org*). Discrepanties in andere rapportages kunnen onstaan door de manier van rapporteren van de verschillende instanties (uitgangspunten, rapportagemoment, etc.).
b Geïmporteerde pup uit Marokko.

Tabel 2.17.1 geeft het aantal rabiës-positieve dieren weer, getest door middel van een directe immunofluorescentietest (IFT), ten opzichte van het totaal aantal onderzochte dieren naar aanleiding van verdenkingen gemeld bij de NVWA. De NVWA is verantwoordelijk voor het internationaal rapporteren van dieren die onderzocht zijn door middel van de IFT. De directe IFT is op dit moment de 'gouden standaard'-test en deze wordt aangeraden door zowel de WHO als de OIE. In mei 2018 heeft de OIE de PCR-test benoemd als een goed alternatief voor de directe IFT. Vanaf het jaar 2019 rapporteert de NVWA ook vleermuizen die enkel door middel van PCR getest zijn.[73,74]

2.18 Salmonellose

Eelco Franz, Ben Wit, Roan Pijnacker, Harry Rozendaal, Joke van der Giessen, Greetje Castelijn, Menno van der Voort, Kees Veldman, Maaike van den Beld, Thijs Bosch, Lapo Mughini Gras

Humane infecties met *Salmonella* spp. kunnen verschillende ziektebeelden veroorzaken. *Salmonella* die vooral gastro-enteritis veroorzaken en waar deze paragraaf betrekking op heeft, worden aangeduid als non-typhoidale *Salmonella*, waarvan de meeste behoren tot *Salmonella enterica* subspecies enterica. Hierbinnen wordt een onderverdeling gemaakt in serotypen op basis van verschillen in O- en H-antigenen, maar meestal wordt alleen het serotype als naam gebruikt, zoals *S.* Typhimurium (= *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serotype Typhimurium). Veel dieren, inclusief landbouwhuisdieren, vormen een reservoir voor humaan relevante *Salmonella*'s. Deze dieren zijn vaak asymptomatische dragers en scheiden de bacteriën uit via feces. Mensen kunnen vervolgens besmet raken door direct of indirect contact met besmette dieren of dierlijke feces (feco-oraal). De meeste besmettingen worden opgelopen door consumptie van besmette dierlijke producten (bijvoorbeeld vlees of eieren), maar milieuroutes spelen waarschijnlijk ook een rol. Salmonellose wordt gekarakteriseerd door gastro-enteritisklachten zoals buikpijn, diarree en/of bloed in de ontlasting. Ook kan salmonellose gepaard gaan met een griepachtig ziektebeeld. Antibioticabehandeling wordt geadviseerd bij risicogroepen met een verhoogd risico op complicaties en bij invasieve infecties (sepsis, bacteriemie).

Incidentele gevallen van humane salmonellose zijn in Nederland, in tegenstelling tot diverse andere Europese landen, niet meldingsplichtig. Salmonellose is alleen meldingsplichtig (arts/lab → GGD → RIVM) indien het een humaan cluster van twee of meer gerelateerde gevallen betreft met een oorsprong in consumptie van besmet voedsel of drinkwater. Inzicht in de trend van salmonellose wordt verkregen via kiem-surveillance die door het Centrum Infectieziektebestrijding (CIb) binnen het RIVM wordt uitgevoerd. Hierbij worden medische laboratoria gevraagd om isolaten naar het RIVM op te sturen. De geschatte dekkingsgraad van deze surveillance op basis van de deelnemende streeklaboratoria is 64% van de Nederlandse bevolking (voor laboratorium-bevestigde salmonellose). Deze isolaten worden alle geserotypeerd. De serotypen Enteritidis en Typhimurium (sinds begin 2020), inclusief de monofasische variant, worden verder getypeerd middels *Whole-Genome-Sequencing* (WGS). Op deze WGS-data wordt surveillance uitgevoerd om clusters van patiënten te identificeren die hoogstwaarschijnlijk een bron van infectie delen. Op deze clusters kan samen met de NVWA/WFSR uitbraakonderzoek uitgevoerd worden. Bij verheffingen van andere serotypen wordt WGS soms toegepast om de uitbraak te verifiëren of bij brononderzoek een link te leggen met eventuele niet-humane isolaten.

Trends van *Salmonella*-infecties bij de mens worden het best beschreven in relatie tot hun bronnen. Als Nationaal Referentie Centrum voor *Salmonella* ontvangt het RIVM ook isolaten voor typering afkomstig van landbouwhuisdieren, huisdieren,

milieu en voedsel. Isolaten uit voedingsmiddelen worden grotendeels door WFSR (in opdracht van de NVWA) verkregen en getypeerd. De isolaten komen uit een diversiteit aan monitoringsprogramma's op boerderijen, in slachthuizen en de detailhandel. Deze zijn vaak onderdeel van het werk van de GD, de NVWA en het RIVM. Als laatste worden isolaten ook, voor typering, ingestuurd door de Faculteit Diergeneeskunde, dierentuinen, voedselindustrie en diervoederindustrie.

2.18.1 Trends in salmonellose bij de mens

2.18.1.1 Serotypen

In 2020 was het aantal ingestuurde *Salmonella*-isolaten (n=568) van humane patiënten in Nederland door de deelnemende streeklaboratoria bijzonder laag (langjarig gemiddelde ligt op twaalfhonderd) (Tabel 2.18.1).

Het totaal aantal laboratorium-bevestigde gevallen in Nederland wordt op basis van de dekkingsgraad van de kiem-surveillance met de streeklaboratoria geschat op 888 gevallen. Dit is het laagste aantal salmonellose-gevallen sinds het begin van de surveillance en een duidelijke verlaging sinds de stabilisering van de afname vanaf 2013 (Fig. 2.18.1). Dit is hoogstwaarschijnlijk terug te voeren op de COVID-19-pandemie vanaf maart 2020 in Nederland. Een combinatie van verlaagde blootstelling als gevolg van de lockdown-maatregelen, verhoogde hygiëne en verminderd zorg zoekend gedrag van patiënten speelt hier waarschijnlijk een belangrijke rol.

Net als in voorgaande jaren zijn de serotypen Enteritidis (25%), Typhimurium (15%) en monofasische Typhimurium (9%) in 2020 de meest voorkomende veroorzakers van humane salmonellose (Tabel 2.18.1).

Tabel 2.18.1 De ontwikkeling van de belangrijkste *Salmonella*-serotypes in de mens. Serotypes waar significante verheffingen voor zijn gevonden zijn grijs gearceerd. Serotypes die zelden voorkomen, niet meldingsplichtig zijn (Typhi, Paratyphi A en B), en/of niet geassocieerd zijn met clusters/uitbraken vallen onder categorie 'overig' (Bron: Laboratoriumsurveillance RIVM).

	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	Reis (2020)
Totaal aantal	**1.466**	**1.298**	**2.204**	**994**	**986**	**979**	**1.160**	**977**	**952**	**1.002**	**568**	**6%**
Enteritidis	516	380	421	256	213	239	319	246	250	354	143	8%
Typhimurium	438	331	276	185	166	196	208	163	176	121	87	3%
SI 1,4,5,12:i:2-	138	262	321	158	207	156	197	173	143	129	52	0%
Typhi	10	7	7	10	12	9	7	9	10	13	4	25%
Paratyphi A	5	4	6	8	7	-	7	3	5	3	-	-
Paratyphi B	4	4	2	2	1	3	2	2	2	6	1	0%
Agona	5	5	8	5	6	9	13	7	6	11	1	0%
Bovismorbificans	4	6	14	6	6	5	34	19	5	11	5	20%
Brandenburg	6	4	11	15	20	7	9	6	15	8	4	0%
Chester	1	-	2	3	12	11	12	10	16	20	4	0%
Derby	9	10	10	11	15	12	16	7	18	7	7	0%
Dublin	5	8	4	6	22	15	20	6	16	13	19	0%
Goldcoast	2	6	9	5	2	10	8	6	22	8	6	0%
Heidelberg	3	8	3	4	31	4	3	1	2	1	-	-
Infantis	18	13	22	30	26	35	26	38	25	26	30	0%
Kentucky	14	14	11	17	6	9	31	27	7	13	5	20%
London	3	7	3	5	9	3	1	3	2	7	2	0%
Muenchen	2	2	4	6	2	8	1	5	5	10	1	0%
Newport	21	29	20	12	12	9	11	18	21	16	8	38%
Paratyphi B var. Java	9	15	6	10	7	13	26	17	15	19	5	20%
Saintpaul	19	5	3	2	12	10	7	8	16	15	1	0%
Stanley	6	7	16	12	7	16	9	11	12	16	3	0%
Thompson	7	-	803	25	7	5	7	4	2	2	-	-
Virchow	10	1	9	10	9	5	8	8	10	18	16	0%
Overige	211	170	213	191	169	190	178	180	151	155	164	7%

Figuur 2.18.1 Seizoens- en jaartrend (stappenlijn) van het wekelijkse voorkomen van humane gevallen van salmonellose (Bron: Surveillance in de voormalige streeklaboratoria, RIVM) (rechter as) en het percentage positieve slachtkuikenkoppels bij de slacht (Bron: monitoring PVE) (linker as).

Figuur 2.18.2 Trend in absolute aantallen cases (rechter as) en relatief aandeel ten opzichte van het totale aantal gerapporteerde *Salmonella* gevallen S (linker as) van 2015 tot en met 2019 voor S. Enteritidis, S. Typhimurium en monofasische S. Typhimurium (Bron: RIVM laboratoriumsurveillance).

Opvallend in 2020 was dat met name het relatieve aandeel van *S.* Enteritidis sterk daalde (van 35% in 2019 naar 25% in 2020), terwijl het relatieve aandeel *S.* Typhimurium en de monofasische varianten ongeveer gelijk bleef ten opzichte van 2019 (Fig. 2.18.2). De meest voor de hand liggende verklaring is de sterke afname van het aandeel salmonellose-gevallen met bevestigde reishistorie. Infecties met *S.* Enteritidis zijn normaliter beduidend vaker in het buitenland opgelopen (19% in 2019) dan *S.* Typhimurium (8% in 2019) en de monofasische varianten (9% in 2019). In 2020 zijn deze percentages gedaald naar respectievelijk 8%, 3% en 0% (Tabel 2.18.1). Daarnaast was er waarschijnlijk in 2020 een lagere blootstelling aan *S.* Enteritidis (voornamelijk ei-gerelateerd) door sterk verminderde voedselconsumptie buiten huis. Het relatieve aandeel overige serotypen steeg van 40% in 2019 naar 50% in 2020 (Fig. 2.18.2).

2.18.1.2 *Clusters en uitbraken*

In 2020 werden alle *S.* Enteritidis en *S.* Typhimurium (inclusief de varianten) getypeerd middels WGS. Hierop werd clusteranalyse uitgevoerd om groepen patiënten te identificeren met identieke stammen (wat duidt op een gemeenschappelijke bron). Van de humane *S.* Enteritidis-isolaten binnen 2020 clusterden 68% met tenminste één ander isolaat. In totaal waren er 27 clusters met een mediane clustergrootte van vier (spreiding 2-35 gevallen). Voor Typhimurium was dit met 32% een stuk lager, met in totaal 45 clusters met een mediane clustergrootte van twee (spreiding 2-20).

In totaal zijn er vijf verheffingen waargenomen met 87 patiënten. Dit betrof onder andere een *S.* Enteritidis-uitbraak in het westen van het land met in totaal 56 patiënten. Hoewel het epidemiologisch bewijs van het uitbraakonderzoek sterk wees op Turkse pizza als bron van de uitbraak, zijn ondanks brononderzoek door de NVWA geen gerelateerde voedsel- of omgevings-isolaten gevonden. Ook is er uitbraakonderzoek verricht naar een cluster van twintig *S.* Typhimurium-patiënten in de regio Utrecht. De bron van de uitbraak is niet gevonden en de uitbraak is uit zichzelf tot een einde gekomen. Van andere serotypen dan *S.* Enteritidis of *S.* Typhimurium is enkel een verheffing waargenomen van *S.* Manhattan. Er werden negen patiënten gemeld in september/oktober 2020, ten opzichte van gemiddeld twee patiënten in een heel jaar in 2016-2019 (spreiding 1-4). Er is echter geen uitbraakonderzoek gestart, omdat de kans op het vinden van een gezamenlijke voedselbron met dit aantal patiënten te klein is.
Het aantal patiënten bij uitbraken is het topje van de ijsberg; het werkelijke aantal gevallen van salmonellose veroorzaakt door zulke uitbraken ligt naar schatting twintigmaal zo hoog.

2.18.2 Salmonella bij landbouwhuisdieren en in dierlijke producten

Naast surveillance van *Salmonella* bij de mens vindt ook monitoring plaats van dieren en dierlijke producten binnen verschillende programma's en projecten.

2.18.2.1 *Landbouwhuisdieren algemeen monitorings-programma NVWA*

De NVWA monitort in de gehele levensmiddelenketen, van primaire productiebedrijven tot in de detailhandel, op wettelijke limieten en criteria, volgen van trends en het signaleren van nieuwe risico's. Op slachthuizen in de verschillende vleesketens wordt onder andere naleving van verplicht, eigen onderzoek van deze bedrijven gecontroleerd (Microbiologische criteria voor levens-middelen Verordening (EG) nr. 2073/2005) en worden door NVWA ook monsters genomen ter verificatie. Deze monsters worden onderzocht door WFSR.
Tabel 2.18.2 laat de ontwikkeling van de belangrijkste *Salmonella*-serotypen onder landbouwhuisdieren zien. Bij varkens domineerden de monofasische varianten van *S.* Typhimurium (35%), gevolgd door *S.* Derby (14%) en *S.* Typhimurium (10%). Bij runderen werden *S.* Typhimurium (25%), *S.* Dublin (21%), *S.* Enteritidis (16%), en de monofasische variant van *S.* Typhimurium (15%) het meest aangetroffen. Bij vleeskuikens is er sprake van dominantie van *S.* infantis (48%), gevolgd door *S.* Paratyphi B var. Java (15%). Onder leghennen domineerde *S.* Enteritidis (63%), opvallend gevolgd door *S.* Braenderup (25%).

Het is opvallend dat in 2020 het aandeel *S.* Paratyphi B var. Java onder vleeskuikens voor het eerst sinds 2013 weer is gestegen (van 11% in 2019 naar 15% in 2020), het aandeel *S.* Infantis onder leghennen (48%) is gestegen ten opzichte van 2019 (38%) maar niet zo hoog is als in 2018 (52%), en *S.* Braenderup is opgekomen als een belangrijk serotype onder leghennen.

2.18.2.2 *Surveillance Landbouwhuisdierenproject*

In 2019 en 2020 werden in mestmonsters van veertien van de 148 bemonsterde vleesvarkensbedrijven *Salmonella* gevonden (9,5%). Het meest werden de monofasische varianten van *S.* Typhimurium (35%), *S.* Typhimurium (29%) en *S.* Infantis (14%) aangetoond. Jaarlijks worden 150 isolaten van diverse diersoorten van de GD bij het RIVM in opdracht van de NVWA getypeerd voor bronattributie (zie ook 2.18.5 Bronnen van besmetting).

Tabel 2.18.2 De ontwikkeling van de belangrijkste *Salmonella*-serotypes in landbouwhuisdieren (Bron: Laboratoriumsurveillance RIVM en monitoring programma NVWA).

Serotypes	2012-2017				2018				2019				2020			
	Varken	Rund	Slachtkuiken	Leghen	Varken	Rund	Slachtkuiken	Leghen	Varken	Rund	Slachtkuiken	Leghen	Varken	Rund	Slachtkuiken	Leghen
Totaal aantal	**815**	**369**	**893**	**360**	**91**	**61**	**107**	**50**	**133**	**105**	**166**	**45**	**49**	**128**	**194**	**40**
Typhimurium	284	137	24	28	29	24	4	2	48	37	6	4	5	32	1	2
SI 1,4,5,12:i:-	292	69	45	22	25	10		1	44	13	1		17	19		
Enteritidis	1	7	97	197				21		2	17	26		21	17	25
Infantis	10	1	143	10	3	1	56	1	6	2	63	3	1	1	94	1
Paratyphi B var. Java	2	3	182	7			27				18	2			29	
Heidelberg			201				2		1							
Derby	111		9	3	12				13		1		7		1	
Dublin	2	110	1	2	1	15			2	30				27		
Brandenburg	41	6	14		5		1	1	3		2		6			
Agona		1	14	11			4		1			2		4	2	
Livingstone	11		11	3	1		2	1	2				1			
Minnesota			22	2											1	
Kedougou			2				1	19			17				2	
Goldcoast	9	5	3		3		2		3	1	3		1	2	2	
Mbandaka	1		10	7			1				1				2	
Anatum	5		8	3										1		
Braenderup			3	12				1			1					10
Rissen	11		2	2	3				1		1			1		
Indiana			10	5			1				9			1	8	
Newport		9	3			1	1			4				2	1	
Jerusalem			6	6												
Montevideo		7	3	2										2		
Overig	37	14	80	42	9	10	1	3,00	9	16	26	8	11	15	34	2

2.18.2.3 Monitoring Pluimvee

De bestrijding van zoönotische *Salmonella* bij pluimvee is op Europees niveau gereguleerd in Verordening (EG) nr 2160/2003 en de daarop gebaseerde uitvoeringsverordeningen (EG) nr 200/2010 en (EG) nr 517/2011. Door het opheffen van de Productschappen per 1 januari 2015 wordt de bestrijding sinds die datum uitgevoerd door de NVWA. Voor pluimvee geldt een monitoringsplicht en een meldplicht voor positieve monsters betreffende *S.* Enteritidis, *S.* Typhimurium en monofasische *S.* Typhimurium. Indien een bedrijf één van deze serotypen aantoont, moet zij dit melden bij de NVWA. Deze meldingsplicht gaat op stalniveau en wordt als zodanig afgehandeld. De houder van leghennen kan kiezen of hij verificatieonderzoek aanvraagt voor de verdachte stal of dat hij de besmetting accepteert. Wanneer er op een leghennenbedrijf naast de verdachte stal nog overige stallen aanwezig zijn, worden deze ook door de NVWA bemonsterd. Als de NVWA een stal met leghennen onderzoekt, wordt naast microbiologisch onderzoek ook een documentcontrole uitgevoerd op een mogelijke toediening van antibiotica. Bij vermeerderingskoppels wordt naast microbiologisch onderzoek ook onderzoek uitgevoerd naar de aanwezigheid van antibioticaresiduen. Hiervoor worden per stal vijf kippen onderzocht. Mocht onderzoek residuen van relevante antibiotica aantonen, dan wordt de stal hierop besmet verklaard.

Legkoppels
Voor legkoppels geldt een monitoringsverplichting waarbij eens in de vijftien weken door de pluimveehouder monsters genomen worden. Maximaal drie weken voor slacht wordt het koppel bemonsterd door een dierenarts. De monsters worden ingestuurd naar een erkend laboratorium voor onderzoek op de aanwezigheid van S. Enteritidis en (monofasische) S. Typhimurium. In 2020 zijn er 45 verdachte stallen gemeld op 27 legbedrijven. Van de 45 verdachte stallen werd voor 26 stallen verificatieonderzoek aangevraagd, waarbij in achttien stallen de besmetting werd bevestigd en in de overige acht gevallen was het verificatieonderzoek negatief. Voor negentien stallen werd de besmetting door de houder geaccepteerd. Naast de verdachte stallen zijn in 2020 ook 47 aanpalende stallen onderzocht door de NVWA. Hierbij werden veertien stallen positief verklaard (dertien keer S. Enteritidis, één keer S. Typhimurium).

Toont verificatieonderzoek een besmetting aan of accepteert de houder de besmetting, dan heeft hij de keuze óf het koppel vervroegd als positief koppel te laten slachten óf het koppel de legronde te laten afmaken. Kiest de houder voor uitleggen met het koppel, dan mogen gedurende de rest van de legronde de eieren uitsluitend worden afgevoerd naar een ei-verwerkend bedrijf waar de eieren een verhitting ondergaan. Het koppel moet na de legronde als positief koppel worden geslacht. Naast de legkoppels waren er in 2020 nog drie meldingen van opfoklegkoppels. Bij twee koppels is nader onderzoek uitgevoerd; dit bleek negatief, één koppel was al door de eigenaar geëuthanaseerd.

Vermeerderingskoppels
Voor vermeerderingskoppels geldt een monitoringsverplichting waarbij eens in de drie weken monsters genomen moeten worden door de pluimveehouder. De laatste monstername voor slacht moet door een dierenarts genomen worden. De monsters worden ingestuurd naar een erkend laboratorium voor onderzoek op S. Enteritidis, S. Typhimurium, S. Infantis, S. Hadar, S. Virchow en voor ouderdieren van vleeskuikens ook S. Paratyphi B var. Java. In 2020 zijn zeventien stallen van zeven bedrijven aan de NVWA gemeld, waarbij in acht stallen *Salmonella*-serotypen werden aangetoond bij het verificatieonderzoek door de NVWA (één keer S. infantis, één keer S. Typhimurium en zes keer S. Enteritidis). Eén stal werd door de eigenaar geëuthanaseerd voordat NVWA-onderzoek kon plaatsvinden; deze is als positief voor S. Infantis verklaard. In 2020 werden ook twee stallen van twee opfokvermeerderingsbedrijven gemeld. Bij het verificatieonderzoek door de NVWA bleek één stal besmet, waarbij eenmaal S. Paratyphi B var. Java werd aangetoond, één stal kippen was al door de eigenaar geëuthanaseerd.
Sinds november 2020 wordt door de NVWA geen standaard verificatieonderzoek meer uitgevoerd. Bij een positieve uitslag in de monitoring wordt de koppel vervroegd als positief geslacht en industrieel verhit, behalve als er gerede twijfel is aan de uitslag van het laboratorium. Ook de aanwezige broedeieren die gelegd zijn na de laatste negatieve monstername worden vernietigd.

Vleeskuikens
Voor vleeskuikens geldt een monitoringsverplichting, waarbij in de eerste drie levensdagen monsters moeten worden genomen door de pluimveehouder. De monsters worden ingestuurd naar een erkend laboratorium voor onderzoek op de aanwezigheid van S. Enteritidis en (monofasische) S. Typhimurium. Maximaal drie weken voor de slacht wordt het koppel bemonsterd door een dierenarts. De monsters worden ingestuurd naar een erkend laboratorium voor onderzoek op S. Enteritidis, S. Typhimurium, S. Infantis, S. Hadar, S. Virchow en S. Paratyphi B var. Java. In 2020 zijn in 32 stallen *Salmonella*besmettingen aangetoond op 25 vleeskuikenbedrijven. Als een *Salmonella*besmetting wordt aangetoond bij de monstername drie weken voor de slacht, dan wordt het koppel als positief koppel logistiek geslacht (dat wil zeggen dat positieve koppels als laatste worden geslacht en waardoor besmetting via de slachtlijn naar negatieve koppels zoveel mogelijk wordt vermeden). Indien S. Enteritidis of (monofasische) S. Typhimurium is aangetoond, kan het vlees alleen worden verwerkt tot producten waarbij door verhitting *Salmonella* wordt geëlimineerd.

2.18.2.4 Levensmiddelenonderzoek
De NVWA bemonstert en WFSR onderzoekt jaarlijks voor een groot aantal levensmiddelen of zij voldoen aan een eventuele norm van afwezigheid van *Salmonella*.

In Tabel 2.18.3 staat een overzicht van het onderzoek in de detailhandel van kippenvlees, waarbij voor vers kippenvlees een afwezigheidsnorm alleen geldt voor de twee humaan meest voorkomende serotypen: S. Enteritidis en S. Typhimurium. In vleesbereidingen van pluimveevlees (gekruid of gemarineerd vlees en kippengehakt) mag geen enkel *Salmonella*-serotype worden aangetroffen.

- In ~4% van de monsters van vers vlees en vleesbereidingen van kip is in 2020 *Salmonella* gevonden; dit is sinds enkele jaren stabiel. 19x S. Infantis, 2x S. Paratyphi B Java, en 3x S. Virchow.

Tabel 2.18.3 *Salmonella* spp. in kippenvlees in de detailhandel (Monitoring programma NVWA).

	2013		2014		2015		2016		2017		2018		2019		2020	
	Vlees	Vlees bereiding	Vlees	Vlees bereiding	Vlees	Vlees bereiding	Vlees	Vlees bereiding	Vlees	Vlees bereiding	Vlees	Vlees bereiding	Vlees	Vlees bereiding	Vlees	Vlees bereiding
Samplegrootte	600	595	586	632	593	674	208	269	231	251	294	299	237	294	286	298
% *Salmonella* spp.	3,2	3,2	3,9	2,7	3,9	3,6	2,4	1,9	3,0	1,6	3,1	3	3,0	2,0	3,8	4,0
Paratyphi B Java (%)	52,6	42,1	43,5	29,4	26,1	20,8	20	20	14			33	14,3	16,7	9,1	7,7
Enteritidis (%)	10,5	31,6			4,3											
Hadar (%)																
Indiana (%)				5,9										16,7		
Infantis (%)	26,3	21,1	52,2	58,8	56,5	70,8	60	40	57	75	78	37	71,4	50,0	72,7	84,6
Virchow (%)								40						16,7	18,2	7,7
Typhimurium (%)	5,3				4,3								14,3			
Andere types (%)	5,3	5,2	4,3	5,9	8,8	8,4			29	25	22					

Tabel 2.18.4 *Salmonella* in 25 g rauw vlees in de detailhandel (Bron: Monitoringprogramma NVWA).

	2014		2015		2016		2017		2018		2019		2020	
	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +
Rund en Kalf	420	0,0	488	0,0	507	0,4	504	0,2	582	0,3	497	0,8	646	0,7
Filet américain	-	-	-	-	99	1,0	105	0,0	127	0,8	139	0,7	135	0,0
Ossenworst	-	-	-	-	59	0,0	75	1,3	109	0,0	75	0,0	84	0,0
Varken	763	1,3	788	0,9	271	0,4	278	0,7	313	1,3	297	1,0	438	1,1
Lam	31	0,0	49	0,0	112	1,8	196	1,0	272	0,4	240	0,4	245	0,8

In Tabel 2.18.4 is een overzicht gegeven van de overige soorten (rauw) vlees afkomstig uit de detailhandel die werden onderzocht. Het gaat hier om vers vlees en vleesbereidingen van rund of kalf, varken en lam.[75] Hoewel er geen normen voor *Salmonella* gelden voor vers vlees van deze diersoorten, volgt de NVWA wel het voorkomen van onder andere *Salmonella* in dit type product. In gehakt vlees, vleesbereidingen en vleesproducten mag géén *Salmonella* zitten.[68]

- In vers varkensvlees was de prevalentie in 2020 (1,0%) (2017 – 0,7%, 2018 – 1,3%, 2019 – 1,0%). Voor lamsvlees was de prevalentie 0,8% (2016 – 1,8%, 2017 – 1,0, 2018 – 0,4%, 2019 – 0,4%. In vers rund/kalfsvlees is het percentage positieven al jaren onder 1,0% (in 2020 0,7%). Ook in andere onderzochte partijen vers vlees uit de *retail* is de prevalentie laag.
- In 303 partijen gehakt en vleesbereidingen (anders dan pluimvee) werd zesmaal *Salmonella* gevonden (2,0%): monofasische *S.* Typhimurium in een saucijs en slavink (varkensvlees), *S.* Enteritidis in rundergehakt en *S.* Dublin in saucijs, gehakt en een hamburger (alle rundvleesbereidingen).
- In 304 partijen rauw te consumeren vlees, zoals filet américain, ossenworst en carpaccio, werd geen *Salmonella* gevonden.

Ook voor levensmiddelen waarvan de verwachting is dat ze zonder afdoende verhitting kunnen worden geconsumeerd, geldt dat er geen *Salmonella* in mag zitten.

- In één van de 993 (0,1%) monsters verse groenten werd in ijsbergsla een *Salmonella* enterica diarizonae-61:-:1,5,(7) aangetoond. In 258 monsters wokgroenten, 277 monsters maaltijdsalades en 81 monsters paddenstoelen (champignon, oesterzwam en shiitake), werd geen *Salmonella* gevonden.

- In 199 monsters vers zeewier uit detail- en groothandel werd geen *Salmonella* gevonden.
- Van zestig partijen verse kruiden werd in twee partijen munt uit Marokko S. Chester en S. Bredeney en in een partij groene munt uit Israël S. Typhimurium en S. Kentucky aangetroffen. Van 63 partijen gedroogde kruiden/specerijen, bemonsterd bij groothandel en import, waren vier partijen positief voor *Salmonella*. Gemengde kruiden met S. Chester en S. Enteritidis in paprikapoeder uit Spanje, S. Mountpleasant in kaneel uit Madagaskar en S. Orion in zwarte peper uit Tanzania.
- In één van 125 (0,8%) monsters verse Zeeuwse mosselen werd S. Typhimurium geïsoleerd, in 63 monsters levende oesters en 28 overige verse schelpdieren werd geen *Salmonella* gevonden. Ook in 43 monsters gekookte schaal- en schelpdieren, bemonsterd in de detailhandel en productiebedrijven werd geen *Salmonella* aangetoond.
- Bij ingevroren geïmporteerde gekweekte vis en tropische garnalen werd in drie van de 104 (2,9%) monsters garnalen *Salmonella* gevonden (S. Virchow, S. Javiana en S. Weltevreden), alle drie afkomstig uit Vietnam. In 1/97 monsters Tilapia werd S. Minnesota geïsoleerd (afkomstig uit Colombia). In 98 monsters Pangasius werd geen *Salmonella* geïsoleerd.
- Bij melktaps werden 101 monsters rauwe koemelk bemonsterd; hierin werd geen *Salmonella* gevonden.

2.18.3 Bronnen van besmetting

De meeste *Salmonella*-infecties worden veroorzaakt door het eten van besmet voedsel, zoals onvoldoende verhitte eieren, rauwe vleesproducten, ongepasteuriseerde zuivelproducten en heel incidenteel door (voorgesneden) rauwe groenten en fruit. De geschatte bijdragen aan de humane salmonellose door reizen, landbouwhuisdieren en hun producten worden getoond in Figuur 2.18.3. Het bronattributiemodel schat de frequentiedistributie van serotypen bij de mens op basis van de frequentie onder de bronnen. Daarbij betrekt men ook het geconsumeerde volume, de besmettingsgraad en de fractie van het voedsel dat rauw of goed doorbakken wordt geconsumeerd. Ook wordt het deel meegenomen dat wordt veroorzaakt door reptielen die als huisdier worden gehouden en waarbij besmetting optreedt via direct contact met de dieren of contact met een door de reptielen besmette omgeving (terrarium).[76]

Figuur 2.18.3 (vergelijk Figuur 2.18.2) Bijdrage aan de humane laboratorium bevestigde salmonellose per bron (2000-2017, i.e. 0-17 op de x-as), met 95% betrouwbaarheidsinterval (10.000 bootstrap iteraties) (Bron: Laboratoriumsurveillance RIVM).

- Van alle bronnen was het aandeel varkens nog steeds het hoogst; dat was in 2020 38%, wat een aanzienlijke stijging is ten opzichte van 2019 (28%).
- Hoewel het de laatste zes jaar niet meer de dominante bron is, waren eieren in 2020 nog steeds een belangrijke bron van salmonellose. Voor eieren geldt vanaf 2009 dat, indien afkomstig van S. Enteritidis/S. Typhimurium-positieve koppels, deze niet meer op de markt gebracht mogen worden als tafeleieren voor directe humane consumptie (EG-besluit 1237/2007). Deze eieren zijn alleen geschikt voor de ei-verwerkende industrie. Ten opzichte van 2019 is het aandeel ei-gerelateerde infecties in 2020 licht gedaald (van 26% naar 23%).
- Van alle salmonellose-gevallen is naar schatting 7% afkomstig van vleeskuikens/kippenvlees, 9% van rund (sterke stijging ten opzichte van 2% in 2019), en 6% van reptielen.
- Van ~5% (ten opzichte van 23% in 2019) kon de bron niet worden geschat of was de *Salmonella*-infectie in het buitenland opgelopen. Deze sterke daling houdt zeer waarschijnlijk verband met de sterke reductie in reizen als gevolg van de coronamaatregelen.

2.18.4 Resistentieontwikkeling

De MARAN-rapportage over 2020 beschrijft de resistentie van *Salmonella*-stammen bij mens, landbouwhuisdieren, diervoer en voedsel (*https://www.wur.nl/en/Research-Results/Research-Institutes/Bioveterinary-Research/In-the-spotlight/Antibiotic-resistance/MARAN-reportS.htm*). Over het geheel genomen werden opnieuw de hoogste resistentiepercentages bij *Salmonella* waargenomen voor (in afnemende volgorde) sulfamethoxazol (26,3% in 2020), tetracycline (25,4%), ampicilline (21,7%), nalidixinezuur (16,4%), ciprofloxacine (16,0%), trimethoprim (12%) en chloor-amfenicol (6,7%). Onder de meest frequent geïsoleerde serovars, die met de hoogste resistentieniveaus (en vaak multi-resistentie), waren S. Infantis, S. Paratyphi B var. Java, de (monofasische) S. Typhimurium-varianten 4,12:i:- en 1,4,[5],12:i:-, en S. Typhimurium. Resistentie tegen fluoroquinolones nam significant toe bij S. Infantis (tot 63%), maar nam af bij S. Typhimurium en S. Enteritidis. In totaal werden 6 (0,5%) ESBL-vermoedelijke isolaten gedetecteerd onder zes verschillende serovars, met vier isolaten van mensen en twee niet-humane isolaten van onbekende oorsprong. In 2020 zijn geen carbapenemase-producerende *Salmonella* gevonden.

2.18.5 Conclusies

De afgelopen jaren is de continu dalende trend in *Salmonella*-infecties bij de mens in Nederland gestabiliseerd van rond de 1500 laboratorium-bevestigde gevallen per jaar met een geschatte 26.000 gevallen in de gehele bevolking. In 2020 is een bijzonder laag aantal salmonellose-gevallen waargenomen, wat hoogstwaarschijnlijk direct te relateren is aan de COVID-19-pandemie en -maatregelen. Als gevolg van de coronamaatregelen waren de reisbewegingen minimaal, waardoor het aantal geïmporteerde salmonellose-gevallen sterk daalde. Dit zien we met name gereflecteerd in de relatieve afname van het aandeel S. Enteritidis-gevallen, die van historie relatief vaak geassocieerd zijn met reizen. Daarnaast was de horeca voor lange tijd gesloten, waarmee er waarschijnlijk beduidend minder blootstelling was aan *Salmonella*. Tot slot leidde de coronasituatie waarschijnlijk ook tot zogenoemd zorg mijdend gedrag van patiënten met voedselinfecties, waardoor het aantal laboratorium-bevestigde gevallen daalde.
Wat betreft het vóórkomen van *Salmonella* onder landbouwhuisdieren viel het op dat in 2020 het aandeel S. Paratyphi B var. Java onder vleeskuikens voor het eerst sinds 2013 (licht) is gestegen ten opzichte van 2019, het aandeel S. Infantis onder leghennen aanzienlijk is gestegen is gestegen ten opzichte van 2019, en S. Braenderup in 2020 is opgekomen als een belangrijk serovar onder leghennen.

2.19 SARS-CoV-2

Daphne Reukers, Liselotte van Asten, Petra Brandsema, Frederika Dijkstra, Marieke Hendriksen, Wim van der Hoek, Mariëtte Hooiveld, Marit de Lange, Annabel Niessen, Anne Teirlinck, Adam Meijer, Rianne van Gageldonk-Lafeber, Harry Rozendaal, Ingrid Keur, Mauro De Rosa

2.19.1 Opkomst

Eind december 2019 meldden de volksgezondheids-autoriteiten in Wuhan, China een cluster van patiënten met onverklaarbare longontsteking. Op 9 januari 2020 werd de veroorzaker geïsoleerd, een nieuw coronavirus, later 'ernstig acuut respiratoir syndroom coronavirus 2' (SARS-CoV-2) genoemd. SARS-CoV-2 verspreidde zich sneller naar andere landen in vergelijking met eerdere ernstige uitbraken veroorzaakt door coronavirussen (SARS-CoV in 2003 en MERS-CoV in 2012). Op 30 januari 2020 verklaarde de WHO het een noodsituatie op het gebied van de volksgezondheid van internationaal belang (PHEIC) (WHO 2020). In Nederland is een positieve SARS-CoV-2 test sinds 28 januari 2020 een meldingsplichtige ziekte van groep A geworden.

De eerste COVID-19-patiënt (de ziekte veroorzaakt door SARS-CoV-2) in Nederland werd op 27 februari 2020 gemeld. Begin maart 2020 werd duidelijk dat er in de provincies Noord-Brabant en Limburg sprake was van onopgemerkte overdracht in de gemeenschap, hoogst-waarschijnlijk geïnitieerd door meerdere introducties

van Nederlandse toeristen terugkerend uit Noord-Italië en Oostenrijk. Dit werd versterkt door de jaarlijkse drie dagen durende carnavalsvieringen, die voornamelijk in het zuiden van Nederland plaatsvinden. Als reactie daarop heeft het landelijk *Outbreak Management Team* (OMT) een reeks beheersmaatregelen aanbevolen, waaronder thuisblijven bij klachten en het afgelasten van grote evenementen. Gedurende de eerste COVID-19-periode piekte het aantal meldingen op 7.794 in week 15, ziekenhuisopnames op 3.284 in week 13 en gemelde COVID-19-sterfgevallen op 1.173 in week 14.

2.19.2 Tweede periode (juli 2020 tot en met januari 2021)

Vanaf week 23 werd universeel testen, zelfs met milde symptomen, actief gepromoot. Daarom moet de epidemiologische curve van meldingen vóór deze week met de nodige voorzichtigheid worden geïnterpreteerd. De tweede periode begon met een toename van de incidentie gedurende de zomer in jongere leeftijdsgroepen (10-29 jaar), gevolgd door een toename in de leeftijdsgroepen van 40-50 jaar en vervolgens in de oudste leeftijdsgroepen (70+). Bij de eerste piek van de tweede periode (week 43-44) werden in de GGD-teststraten 1.850 testen per 100.000 inwoners uitgevoerd, waarvan 18,4% positief (week 43). Tijdens deze piek werden in totaal 66.518 meldingen gedaan (week 43), van 1.983 personen is bekend dat ze opgenomen waren in het ziekenhuis (week 44) en zijn 607 personen overleden (week 43). In de tweede piek van de tweede periode (week 51-53 2020) zijn in de teststraten 2.748 testen per 100.000 inwoners uitgevoerd (week 51), waarvan 13,7% positief (week 51 en week 53). Verder zijn er 78.021 (week 51) meldingen gedaan, zijn 1.984 personen opgenomen in het ziekenhuis (week 53) en zijn 720 personen overleden (week 51).

Zie het jaarverslag van EPI-RES voor meer informatie (*https://www.rivm.nl/publicaties/annual-report-surveillance-of-influenza-and-other-respiratory-infections-in-0*).

2.19.3 SARS-CoV-2 bij dieren

Gedurende de eerste golf van de coronapandemie werd in Hong Kong voor de eerste keer aangetoond dat honden en katten besmet konden worden door SARS-CoV-2-positieve personen.[77] Sindsdien is er veel onderzoek gedaan bij dieren. Hoewel transmissie van mens naar dier, tussen dieren en van dier naar mens mogelijk is, is de impact hiervan op de humane gezondheid als verwaarloosbaar ingeschat vergeleken met mens-mens-transmissie.

Gezelschapsdieren

Infectie met SARS-CoV-2 bij gezelschapsdieren is in Nederland niet meldingsplichtig bij wet. Daardoor zijn er geen officiële data beschikbaar. De NVWA heeft in 2020 wel een aantal 'vrijwillige' meldingen binnengekregen van ziekte bij gezelschapsdieren en bij nader onderzoek zijn geen positieve monsters gevonden. Soortgelijk onderzoek zoals dat in Hong Kong is ook in Nederland uitgevoerd door de Universiteit Utrecht en *Erasmus Viroscience*. In dit onderzoek[78] werd in de tweede helft van 2020 bij 4% van de huisdieren (7/155 honden en 6/154 katten) SARS-CoV-2 aangetoond met behulp van PCR en bij 17% (23/155 honden en 31/154 katten) werden antistoffen tegen SARS-CoV-2 gevonden. Dieren die bij een eerste huisbezoek PCR-positief testten, werden na een aantal weken in overleg met de eigenaren nogmaals getest. Bij alle dieren werden antistoffen tegen SARS-CoV-2 aangetoond, wat wijst op een doorgemaakte infectie.

Andere dieren en nertsen

Uit onderzoek blijkt dat de kans erg klein is dat bepaalde diersoorten, zoals runderen, kippen, varkens, geiten, konijnen en paarden, besmet raken met SARS-CoV-2. Fretten, en daarmee ook nertsen, zijn er integendeel gevoelig voor.

Op 23 april 2020 kwam de eerste melding van een aangetoonde SARS-CoV-2-infectie bij nertsen die gehouden werden voor de vachtproductie. De dieren waren onderzocht vanwege ademhalingsproblemen bij Royal Gezondheidsdienst voor Dieren (GD). De gebruikelijke pathogenen waren niet gevonden, daarop is een onderzoek ingezet op SARS-CoV-2. Dit was positief in meerdere weefsels. Testconfirmatie bij *Wageningen Bioveterinary Research* (WBVR) bevestigde de uitslagen.

Naar aanleiding van deze bevinding en het feit dat deze nertsen waarschijnlijk een grote hoeveelheid virus in de omgeving konden verspreiden, heeft het ministerie van Landbouw, Natuur en Voedselkwaliteit (LNV) per direct een meldingsplicht ingesteld.

In de periode daarop kwamen er steeds meer nertsenbedrijven bij. Op 3 juni is besloten dat alle nertsen bij de besmette bedrijven moesten worden geruimd. Er zijn in 2020 totaal 69 bedrijven besmet verklaard en geruimd (Figuur 2.19.1). Deze bedrijven lagen in de regio Oost-Brabant, Noord-Limburg, Zuid-Gelderland, behalve één bedrijf. Dat laatste bedrijf is ook het enige dat is geruimd zonder dat het virus is aangetoond in monsters genomen door de NVWA. Nadat het virus was gevonden in monitoringsmonsters en de bemonstering door de NVWA negatief bleek, is besloten het bedrijf

preventief te ruimen. Zie voor verdere informatie hoofdstuk 3.

Figuur 2.19.1 Locaties nertsenhouderijen voor bontproductie (N=129) en omcirkeld de SARS-CoV-2-besmette locaties (N=69)

2.20 STEC

Menno van der Voort, Paul in 't Veld, Ingrid Friesema

Shiga toxine-producerende *Escherichia coli* (STEC) is een bacteriële zoönose met herkauwers als belangrijkste reservoir. Een Nederlandse attributiestudie liet zien dat ongeveer de helft van de patiënten kan worden toegeschreven aan runderen als reservoir en ongeveer een kwart van de infecties kan worden toegeschreven aan schapen en geiten.[79] Varkens en pluimvee zijn kleinere reservoirs van STEC.

2.20.1 STEC bij mensen

Infecties met Shiga toxine-producerende *Escherichia coli* (STEC) kunnen asymptomatisch verlopen, maar ook leiden tot milde tot ernstige (bloederige) diarree. Gemiddeld ontwikkelt 2 tot 7% van de met STEC geïnfecteerde personen het Hemolytisch Uremisch Syndroom (HUS) met hemolytische anemie, thrombocytopenie en acute nierinsufficiëntie.[80]
De meest toegepaste methode voor subclassificatie is serotypering, die gebaseerd is op O- en H-antigenen. Serotype O157 evenals de aanwezigheid van eae (E. coli *attaching-and-effacing* gen) en bepaalde typen stx (shigatoxinen) geven een verhoogd risico op HUS. Sinds januari 1999 bestaat er een humane surveillance van STEC O157-infecties in Nederland. In datzelfde jaar is STEC O157 ook humaan meldingsplichtig geworden. In 2007 is STEC non-O157 opgenomen in de surveillance. Per 1 juli 2016 zijn de meldingscriteria voor STEC gewijzigd, waarbij de focus van de meldingsplicht is beperkt tot acute infecties met minimaal symptomen van diarree, bloed in de ontlasting en/of braken.[81]
Deze wijzigingen leiden ertoe dat de infecties met langdurige, vaak milde symptomen en (mogelijke) toevalsbevindingen niet langer meldingsplichtig zijn. Nadeel hiervan is dat er een trendbreuk in het aantal STEC-meldingen is ontstaan.
In totaal werden 323 patiënten met een STEC-infectie gemeld, wat lager is dan in de voorgaande jaren.
Het aantal STEC O157- (n=36) en STEC non-O157-infecties (n=57) was vergelijkbaar met 2019 (Figuur 2.20.1). Van de overige patiënten in 2020 kon de infectie niet bevestigd worden in het ingestuurde isolaat (n=15) of was er geen isolaat ingestuurd (n=215).

Iets meer vrouwen (56%) dan mannen werden gediagnosticeerd met een STEC-infectie. Van de STEC O157-patiënten werd 36% opgenomen in een ziekenhuis (33-54% in eerdere jaren) ten opzichte van 29% van de STEC non-O157-patiënten (11-25% in 2009-2019). HUS werd gemeld voor acht patiënten, waarvan vier jonge kinderen (3-6 jaar) en vier volwassenen (21-86 jaar); 88% was vrouw. Bij drie HUS-patiënten was de O-typering bekend: 2x O26 (twee jonge kinderen) en eenmaal O113 bij een volwassene. Twee mannen (O26 en O-typering onbekend) zijn overleden als gevolg van de STEC-infectie. Binnen STEC non-O157 werd STEC O26 (n=13; 23%) het meest gevonden, op afstand gevolgd door STEC O103 (n=7; 12%) en STEC O145 (n=5; 9%). In totaal werden er 23 verschillende O-groepen gevonden, naast vier niet-typeerbare STEC's. Over de periode 2017-2020 waren na O157 (n=188), O26 (n=86), O103 (n=32), O63 (n=16), O145 (n=15) en O146 (n=15) de vijf meest gevonden O-groepen.

Figuur 2.20.1 STEC infecties in Nederland bij de mens.

2.20.2 STEC bij dieren en in voedsel

In opdracht van de NVWA onderzocht WFSR in 2020 voedsel op de aanwezigheid van STEC binnen achttien monitoringsprojecten. Een hoge prevalentie is hierbij, net als in eerdere jaren, gevonden voor *retail* vers vlees en vleesbereidingsmonsters (gehakt, gekruid, enzovoort) van kleine herkauwers, waarbij in 17,8% van de 247 monsters een STEC-isolaat werd gevonden. Voor *retail* gehakt en vleesbereidingen (5,8% van 309 monsters) en *retail* kalfsvlees (5,6% van 196 monsters) werden percentages positieven ongeveer gelijk aan 2018 gevonden (respectievelijk 6,8 en 6,0%) en hoger dan in 2019 (respectievelijk 3,2% en 3,8%). Voor andere *retail* vleesprojecten zijn lagere percentages positieven gevonden; vlees voor rauwe consumptie (3,0%, 304 monsters) en vers rundvlees (2,0%, 299 monsters). Bij importvlees zijn juist hogere percentages positieven gevonden. Deze worden per partij van vijf monsters gemonitord, wat een hoger percentage mede kan verklaren. In monitoring van importroodvlees was 10,5 % van de negentien partijen positief voor STEC, voor import exotisch vlees was dit 37,5% van de acht partijen.

In 2020 is net als in 2019 extra aandacht besteed aan de monitoring van groente, waarbij weer maar in twee gevallen een STEC-isolaat is gevonden. Dit betrof twee positieve rauw te consumeren groentemonsters (uit 993 monsters). Geen van de 245 maaltijdsalade- en 258 wokgroente-monsters is positief bevonden. In de projecten op (verse) kruiden is in 2020 één partij geïmporteerde verse kruiden positief bevonden (zestig partijen getest). In de monitoringsprojecten op kweekvis (301 monsters), levende tweekleppige weekdieren (98 monsters), pecten (drie monsters) en oesters (51 monsters) zijn geen positieve STEC-monsters gevonden. Ook in de monitoring op vers zeewier (180 monsters) en *superfoods* (175 monsters) zijn geen positieve STEC-monsters gevonden.

Daarnaast is het landbouwhuisdieren-monitorings-project op varkens dat in 2019 is gestart, in 2020 voortgezet, waarbij in 2020 er 86 STEC-positieven zijn gevonden op 147 bedrijven (58,5%). In dit landbouw-huisdieren-project wordt de matrix mest onderzocht op de aanwezigheid van STEC.

In totaal zijn in 2020 106 isolaten in voedsel gevonden, met 47 verschillende serotypen. Hierbij werd O146:H21 (n=16) het meest gevonden, gevolgd door O38:H26 (n=11). Bij totaal acht isolaten is ook het *eae*-gen gevonden, waaronder vijf isolaten O26:H11, één isolaat O157:H7, één isolaat O145:Hontypeerbaar en één isolaat O146:H21. In het landbouwhuisdieren-project op varkens zijn O100:H30 (n=13) en O8:H9 (n=10) de meest gevonden serotypen.

2.21 Toxoplasmose

Marieke Opsteegh, Joke van de Giessen, Titia Kortbeek, Agnetha Hofhuis

Toxoplasmose, veroorzaakt door de obligaat intracellulaire protozo *Toxoplasma gondii*, is wereldwijd een van de meest voorkomende (voedsel-gerelateerde) parasitaire zoönosen.[82,83] De kat is de eindgastheer van deze parasiet. Na een eerste infectie scheidt een kat gedurende een paar weken in totaal miljoenen oöcysten uit met de feces, die in de omgeving eerst moeten rijpen voordat ze tot een nieuwe infectie kunnen leiden. In de tussengastheer (alle warmbloedigen, onder andere landbouwhuisdieren zoals schaap, geit, varken en rund) ontwikkelen zich cysten in verschillende weefsels (onder andere spieren, lever, hersenen). Knaagdieren, andere kleine zoogdieren en vogels zijn vooral belangrijk als bron van infectie voor de kat. Katten raken gemakkelijk geïnfecteerd door opname van weefselcysten[84] en jagen is het belangrijkste risico voor infectie bij katten in Nederland.[85] Mensen kunnen geïnfecteerd raken via het eten van niet van tevoren ingevroren en niet goed verhit vlees waarin zich weefselcysten bevinden. Ook kan een infectie opgelopen worden door opname van rijpe oöcysten, bijvoorbeeld tijdens het tuinieren (met kattenfeces besmette grond) of consumptie van met oöcysten besmette groenten of fruit. Daarnaast kan er nog overdracht plaatsvinden via weefseltransplantaties. Bovendien kan *T. gondii*, als een vrouw voor het eerst een infectie oploopt tijdens de zwangerschap, via de placenta worden overgedragen op het ongeboren kind (congenitale infectie).

2.21.1 Toxoplasma bij mensen

Bij de meeste mensen verloopt een infectie asymptomatisch of geeft het milde klachten (moeheid, koorts en gezwollen lymfeknopen), maar er kan ook een ontsteking van het vaat- en netvlies van het oog optreden, die zich eventueel pas vele jaren later manifesteert. Een congenitale infectie kan leiden tot een miskraam of een kind geboren met afwijkingen aan het zenuwstelsel of de ogen. Ook in dit geval geven de afwijkingen in de ogen soms pas na tientallen jaren dusdanige klachten dat zij worden herkend. Daarnaast kunnen bij mensen met een immuundeficiëntie door ziekte of medicamenteuze onderdrukking van het immuunsysteem voor bijvoorbeeld orgaantrans-plantaties, ernstige ziekteverschijnselen (bijvoorbeeld longontsteking, hersenvliesontsteking) optreden. Meerdere studies laten een verband zien tussen *T. gondii*-infectie en verschillende psychiatrische ziekten of gedragsveranderingen.[86,87] In deze onderzoeken wordt de seropositiviteit voor *Toxoplasma gondii* in patiënten vergeleken met de seropositiviteit in

gezonde controlepersonen. Op deze manier kan niet worden bepaald of het om een oorzakelijk verband gaat. Bovendien worden deze verbanden niet altijd gevonden. In de NESDA-studie (de *Netherlands Study of Depression and Anxiety*) werd geen bewijs gevonden voor een relatie tussen seropositiviteit en affectieve stoornissen, agressie-reactiviteit en suïcidale gedachten.[88]

In Nederland is de seroprevalentie (fractie personen met antilichamen tegen *Toxoplasma* op een willekeurig moment in tijd) gebaseerd op een representatieve dwarsdoorsnede van de bevolking in de Pienterstudies (*https://www.rivm.nl/pienter-onderzoek*). De seroprevalentie was 40,5% in 1995/1996[89], met een daling naar 26,0% in 2005/2006.[90] De nieuwste Pienter-studie (2016-2017), waarbij wederom de seroprevalentie is onderzocht, laat zien dat de seroprevalentie iets is toegenomen (30,9%), met name in de oudere leeftijdsgroepen.[91] Er is evenals in de eerdere studies een verschil tussen de regio's, waarbij het westen hogere seroprevalenties heeft en het noordoosten en zuidoosten lagere.

Op basis van een geschatte incidentie van twee kinderen met een congenitale toxoplasmose per 1.000 levendgeborenen per jaar en een ziektelast van 1900 DALY's per jaar, behoort toxoplasmose tot de belangrijkste zoönotische en voedsel-overdraagbare infecties in Nederland.[92]

Toxoplasmose is geen meldingsplichtige ziekte volgens de Wpg (zie paragraaf 2.2) en is niet opgenomen in het screeningprogramma voor zwangeren in Nederland. De diagnostiek wordt door verschillende soorten laboratoria (MML, klinisch-chemisch, huisartsen-lab, enzovoort), op verzoek van verschillende soorten aanvragers (verloskundigen, gynaecologen, oogartsen, internisten, bedrijfsartsen) uitgevoerd, waardoor geen goed inzicht bestaat in (de trend in) het aantal gevallen per jaar. In oktober 2016 is het RIVM gestart met een onderzoek, waarbij recent geïnfecteerde patiënten geïncludeerd worden via veertien medisch-microbiologische laboratoria, verspreid door Nederland. Door de vragenlijstgegevens van patiënten te vergelijken met de gegevens van controlepersonen die seronegatief testten voor antistoffen tegen *T. gondii* worden de risicofactoren voor infectie met *T. gondii* in Nederland onderzocht (*Toxoplasma* Brononderzoek). De patiënten-inclusie is 1 mei 2021 gestopt en de data-analyse wordt voorbereid.

Figuur 2.21.1 Het percentage personen met antilichamen tegen Toxoplasma gondii per leeftijdscategorie in de Pienter-studies.

2.21.2 Toxoplasma bij dieren

Een *T. gondii*-infectie verloopt bij dieren vaak symptoomloos, hoewel (congenitale) toxoplasmose met neurologische en oculaire verschijnselen of abortus kan optreden. Bij kleine herkauwers is het een belangrijke oorzaak van verwerpen.[93] Er is geen monitoringssysteem voor landbouwhuisdieren in Nederland. De gegevens in Tabel 2.21.1 komen uit onderzoeksprojecten of vanuit klinische of exportdiagnostiek.

T. gondii-infectie geeft geen zichtbare afwijkingen bij consumptiedieren en er kan dus niet op worden gecontroleerd bij de klassieke vleeskeuring op basis van visuele inspectie in de slachthuizen. Een onderzoek gefinancierd door de EFSA om meer helderheid te krijgen in nauwkeuriger en makkelijker toepasbare methoden voor vleeskeuring, heeft aangetoond dat serologische diagnostiek onvoldoende betrouwbaar blijkt om besmetting van productiedieren en vlees uit te sluiten: het is mogelijk dat serologisch negatieve dieren toch cysten in het vlees hebben. Voor kleine herkauwers, varkens en kippen kan serologie wel gebruikt worden om te bepalen welke bedrijven een hoog besmettingsniveau hebben. Bij rund en paard is de overeenkomst tussen serologische resultaten en de detectie van cysten in het vlees zo slecht, dat serologie

Tabel 2.21.1 *Toxoplasma* in dieren.

Diersoort	Positief/totaal geteste monsters (% positief)								
	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020
Runderen	0/144 (0%)[a]	0/202 (0%)[a]	0/506 (0%)[a]	19/100 (19%)[d]*; 2/100 (2%)[e]*	-	-	-	-	-
Geiten	4/11 (36%)[a]	4/14 (29%)[a]	0/30 (0%)[a]; 221/1.664 (13,3%)[d]	2/8 (25%)[c]	-	1/7 (14%)[c]	5/5 (100%)[c]	1/6 (17%)[c]	-
Schapen	8/24 (33%)[a]	6/36 (17%)[a]	6/66 (9%)[a]	-	-	-	-	-	-
Schapen	-	-	-	3/3 (100%)[c]	-	-	-	14/16 (88%)[c]	20/27 (74%)[c]
Honden	1/52 (2%)[b]	11/71 (15%)[b]	15/58 (26%)[b]	11/84 (13%)[b]; 0/3 (0%)[c]	22/145 (15,2%)[b]; 0/7 (0%)[c]	26/168 (15,5%)[b]; 0/11 (0%)[c]	79/222 (35,6%)[b]; 0/3 (0%)[c]	50/244 (20,5%)[b]; 0/3 (0%)[c]	69/276 (25,0%)[b]
Katten	2/18 (11%)[b]	2/24 (8%)[b]	5/26 (19%)[b]	2/32 (6%)[b]; 0/4 (0%)[c]	11/33 (33%)[b]	7/43 (16%)[b]	15/64 (23%)[b]	24/91 (26%)[b]	25/120 (20,8%)[b]
Vleesvarkens	7/780 (0,9%)[d]; 2,0% (n=55.681)[f]	1,6% (n=41.151) [f]	2,8% (n=38.752) [f]	2,1% (n=44.462) [f]	1,4% (n=46.294) [f]	-	-	-	-
Ratten	-	2/53 (4%)[d]	-	-	-	-	-	-	-
Wilde knaagdieren en insectivoren	-	-	-	-	-	-	-	-	5/312 (1,6%)[g]

a Gegevens GD, aantal geteste verworpen vruchten (mèt placenta 2008-2013, met en zonder placenta 2014) en het aantal uitslagen daarvan positief a.d.h.v. macroscopie en indien die afwijkt histologie
b Gegevens VMDC, op basis van patiënten diagnostiek ((totaal Ig- serologie)
c Gegevens WBVR, vanuit aangevraagde testen voor (export) diagnostiek (2015: LAT, vanaf 2016: ELISA)
d Gegevens RIVM, op basis van steekproef-serologie
e Gegevens RIVM/WBVR, op basis van muizenbioassay
f Seroprevalentie gecorrigeerd voor bedrijfstype (conventioneel/biologisch) en regio (provincie)
g Gegevens WBVR, op basis van PCR, dieren verzameld in 2016/2017/2018, alle positieven waren bruine ratten op Texel
* Het betreft dezelfde 100 runderen

ook niet geschikt is voor het opsporen van positieve bedrijven.[94,95,96]
Van 2012 tot 2016 is op grote schaal serologische screening bij vleesvarkens uitgevoerd. De seroprevalentie, welke varieerde van 1,4% in 2016 tot 2,8% in 2014 (tabel 2.21.1), was hoger bij biologisch gehouden dieren en piekte in de winter.[97]
In 2020 is een studie gepubliceerd waarbij de hersenen van 312 wilde knaagdieren en insectivoren gevangen op varkensbedrijven in Noord-Brabant, Gelderland en Overijssel (2016/2017) en in natuurgebieden op Texel (2018), werden getest op de aanwezigheid van *T. gondii*-DNA. De parasiet werd alleen aangetoond bij vijf van de 28 bruine ratten gevangen op Texel.[98] Op de onderzochte bedrijven waren geen katten aanwezig, terwijl op Texel verwilderde katten voorkomen. In studies uit 2004 en 2008 werd *T. gondii* wel aangetoond bij verschillende knaagdieren en insectivoren gevangen op varkensbedrijven.[99,100]

2.21.3 Bronattributie

In een bronattributiestudie is berekend dat binnen de vleesgerelateerde infecties in Nederland rundvlees een veel groter aandeel heeft aan humane *T. gondii*-infecties dan varkensvlees, schapenvlees en gemengde vleesproducten bij elkaar.[101] Rundvlees is, in tegenstelling tot schapenvlees, relatief weinig besmet, maar door de veelvuldige rauwe consumptie ervan (vooral filet américain), is het geschatte aandeel in humane infecties hoog. Rauwe vleesproducten bevatten meestal toevoegingen zoals zout, lactaat en acetaat en uit een vervolg op de bronattributiestudie blijkt dat het effect van zouten veel invloed heeft op het geschatte risico voor dergelijke vleesproducten.[102]
In vervolg op deze studies wordt gewerkt aan een in-vitromethode om de overleving van *T. gondii* in vlees te bepalen[103], zodat experimenteel kan worden onderzocht in welke mate de toevoegingen gebruikt voor de bereiding van rauwe vleesproducten zoals filet américain leiden tot inactivatie van *T. gondii*.

Naast onvoldoende verhit vlees vormt blootstelling aan oöcysten via grond of daarmee besmette groenten en fruit een belangrijke bron van infectie voor de mens. Om meer inzicht te verkrijgen in deze routes is, in navolging van het model voor vleesgerelateerde infecties, een kwantitatief risicobeoordelingsmodel voor infecties via grond opgezet[104]. Eerst werd met een nieuw ontwikkelde detectiemethode in vijf van 148 (3%) grondmonsters uit tuinen DNA van de parasiet aangetoond. Vervolgens werden deze gegevens gecombineerd met data over de blootstelling aan grond, en de overleving en infectiviteit van oöcysten. Het geschatte aantal infecties via grond ligt hoger dan voor vlees, echter door onzekerheden in beide modellen zijn de getallen niet goed direct te vergelijken.
Binnen het *One Health* European Joint-Programma vanaf 2020 tot medio 2022 is op verschillende manieren meer inzicht verkregen in bronattributie voor *T. gondii* in Europa (*https://onehealthejp.eu/jrp-toxosources/*).

2.21.4 Preventie

In Nederland is preventie van toxoplasmose vooral gebaseerd op voorlichting van risicogroepen, zoals zwangeren en immuun-gecompromitteerden, via de verloskundige of behandelaar. Voor de algemene bevolking is informatie beschikbaar op de websites van RIVM en Voedingscentrum. Om het risico op blootstelling in de algemene bevolking terug te dringen, is het beter de aanwezigheid van *T. gondii* in de bekende bronnen van infectie terug te dringen. Het RIVM heeft verschillende interventiemaatregelen doorgerekend in een maatschappelijke kosten-batenanalyse.[105]
Om met vaccinatie van katten effect te bereiken, is een onrealistisch hoge vaccinatiegraad nodig.[106]
Het invriezen van risicovolle vleesproducten levert netto baten voor de samenleving, terwijl het verhogen van de biosecurity op varkensbedrijven weinig effectief blijkt[107]. Koninklijke Nederlandse Slagers (KNS) heeft bekendgemaakt de maatregel van het invriezen van grondstoffen op te nemen in de hygiënecode.[108]

Wat betreft varkensbedrijven heeft de WUR met een break-evenanalyse berekend dat naar schatting maximaal € 453 tot € 8292 per jaar per hoog-risicovlees-varkensbedrijf aan kosten voor preventiemaatregelen (bijvoorbeeld knaagdierbestrijding, afdekken van voer en castratie van katten) opweegt tegen de baten.[109]
In hoeverre het in de praktijk mogelijk is de besmetting in varkens terug te dringen door serologische testen in het slachthuis, gevolgd door interventiemaatregelen op positieve bedrijven, wordt verder onderzocht. Daarbij is het van belang zich te realiseren dat Nederlandse varkenshouders verschillen in mogelijkheden en motivatie om *T. gondii*-infecties te bestrijden.[110]

2.22 Trichinellose

Joke van der Giessen, Frits Franssen, Titia Kortbeek, Lola Tulen, Ingrid Keur

Trichinella rondwormen komen wereldwijd voor in wilde en gedomesticeerde dieren. Er zijn meerdere soorten *Trichinella*, waarvan *T. spiralis* wereldwijd voorkomt en de voor de mens meest belangrijke soort is, hoewel allle *Trichinella*-soorten tot ziekte kunnen leiden bij de mens. Andere soorten, zoals *T. britovi* in Europa en West-Afrika, T8 in Zuid-Afrika, T9 in Japan, *T. nativa* (inclusief een

apart genotype, T6) in Arctische gebieden, *T. nelsoni* in Afrika, *T. murelli* in Noord- Amerika en *T. patagoniensis* in Zuid-Amerika, komen voornamelijk in wilde dieren voor.[111,112] Na opname van de larven door consumptie van besmet vlees, komen de larven in de dunne darm vrij. Ze dringen de darmwand in en ontwikkelen zich daar tot volwassen mannetjes en vrouwtjes.
Na bevruchting produceren de vrouwtjes levende larven in de darm. Deze larven gaan door de darmwand heen en kapselen zich in in spiercellen van hun gastheer. Langs deze weg kan *Trichinella* opgenomen en verspreid worden in spiercellen, waar ze jarenlang kunnen overleven en zich niet verder ontwikkelen. Pas als die gastheer wordt opgegeten door een vlees- of alleseter kan de ontwikkeling van *Trichinella* doorgaan. Als de gastheer sterft, kunnen *Trichinella*-spierlarven in het afstervende spierweefsel nog lange tijd in leven blijven. In de spieren van dode dieren overleven trichinen weken tot maanden in gematigde gebieden[113] en tot maanden of een jaar in koude gebieden (*T. nativa*).[114] Overigens zijn er ook soorten die geen kapsel vormen in de spieren (*T. pseudospiralis*, *T. papuae* en *T. zimbabwensis*). Deze soorten kunnen ook vogels (*T. pseudospiralis*) of koudbloedige dieren (*T. papuae* en T. *zimbabwensis*) infecteren.[115] Van de ongekapselde *Trichinella*-soorten, kent *T. pseudospiralis* een wereldwijde verspreiding en is ook in Nederland aangetoond in een wild zwijn. Mensen kunnen geïnfecteerd raken met *Trichinella*-parasieten door het eten van rauw of onvoldoende verhit vlees (meestal varkensvlees, paardenvlees of vlees van wilde zwijnen). De verschijnselen zijn afhankelijk van de *Trichinella*-soort, de hoeveelheid opgenomen larven en waar de larven zich bevinden (darm, rondtrekkend of in de spieren).[116] Trichinellose kan zeer heftig en lethaal verlopen. De ernst hangt samen met de hoeveelheid larven die iemand binnenkrijgt en met de *Trichinella*-soort, en of de larven in hersenen of hart zijn binnengedrongen. In 2014 is er een uitbraak geweest van trichinellose onder gasten van een aantal restaurants in België waar geïmporteerd wild zwijn werd geserveerd.[117]

2.22.1 *Trichinella* bij dieren

Consumptiedieren, die gevoelig zijn voor *Trichinella spp.*, moeten volgens EU-wetgeving worden onderzocht door middel van de kunstmatige verteringsmethode (Tabel 2.22.1).[118] Het risico is echter marginaal wanneer varkens binnen worden gehouden en daarom is in 2015 de EU-wetgeving dusdanig aangepast dat in principe slachtvarkens, die onder gecontroleerde *biosecurity*-condities (*controlled housing*) gehouden worden, niet meer getest hoeven te worden in Europa.[116] In Nederland vindt controle van alle varkens, paarden en wilde zwijnen voor *Trichinella* nog wel steeds plaats tijdens de slachtfase en wordt gedaan door één (vleesvarken) tot vijf gram (paard en wild zwijn) spiervlees van een predilectieplaats van elk karkas te onderzoeken op het voorkomen van *Trichinella*. Hoewel het risico op een infectie bij varkens die onder *controlled housing*-systemen worden gehouden dus minimaal is, bestaat er een risico voor buitengehouden varkens en wild, omdat *Trichinella* endemisch voorkomt in gevoelige wilde omnivore en carnivore dieren (wildcyclus). Het RIVM-CIb is referentielaboratorium voor voedseloverdraagbare en zoönotische parasieten en borgt de kwaliteit op het routinematige onderzoek

Tabel 2.22.1 *Trichinella* in dieren (Bron: NVWA, RIVM).

Diersoort	Positief/getest									
	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020
Varken slachthuis[a]	0/ 14.520.834	0/ 14.689.622	0/ 13.827.352	0/ 14.638.062	0/ 15.044.253	0/ 14.903.515	0/ 15.241.457	0/ 15.782.576	0/ 15.791.062	0/ 15.790.021
Paarden/ pony's[a]	0/5.063	0/7.727	0/4.819	0/4.464	0/3.387	0/3.755	0/2.753	0/2.453	0/2.020	0/1790
Wilde zwijnen										
Wild[a]	0/1.332	0/3.238	0/1.835	0/1.960	0/1.111	0/3.307	0/5.169	0/4.570	0/5.012	0/4921
Wild[b]	0/458	0/688	0/602	0/861	2/512	-	-	-	-	-
Knaagdieren (wild)[b]	0/94 (1)	-	0/46	2/135	-	-	-	-	-	-
Wasbeer-honden[a]	-	-	-	1/7	-	-	0/14	-	-	-
Bevers[a]	-	-	-	-	-	-	-	0/7	0/14	-
Vossen[a]	0/260	-	0/37	-	-	-	-	-	-	-

a Digestie
b Serologie

van *Trichinella* bij slachtdieren. In Nederland worden alle consumptiedieren nog steeds getest met de kunstmatige verteringsmethode. Het RIVM verricht onderzoek naar het voorkomen en de dynamiek van *Trichinella* bij wild en de volksgezondheidsrisico's van de wildcyclus voor de veehouderij en de mens. In 2020 zijn 15.970.021 slachtvarkens, 1.790 slachtpaarden en 4.921 wilde zwijnen routinematig onderzocht op *Trichinella*. Geen van de dieren is positief bevonden. Monitoring van *Trichinella* vindt alleen nog plaats door de slachthuis-controles, en sinds 2016 is de serologische monitoring van wilde zwijnen stopgezet, zodat er geen inzicht meer is in laaggradige infecties in de wildcyclus.

2.22.2 Trichinellose bij mensen

De diagnostiek van *Trichinella* berust vooral op serologie. De serologie wordt in Nederland alleen uitgevoerd door het RIVM in Bilthoven. De sera worden gescreend met een ELISA en bij een positief resultaat bevestigd door een immunoblot. Bij bijzondere resultaten wordt overlegd met het referentiecentrum in Rome (*EU Reference Laboratory for Parasites*, ISS, Dr. E. Pozio). Bij een patiënt werd in 2020 een laagpositieve reactie gevonden in de ELISA, die werd bevestigd in de immunoblot. Deze patiënt bleek veertig jaar geleden een infectie te hebben gehad in Polen. Antistoffen blijven heel lang aantoonbaar. Er was geen aanwijzing voor een actieve infectie.

2.23 Tuberculose

Marcel Spierenburg, Erika Slump, Ad Koets

In Nederland wordt tuberculose bij de mens in circa 97% van de gevallen veroorzaakt door *Mycobacterium tuberculosis*, in 1% van de gevallen door *M. africanum* (vergelijkbaar met *M. tuberculosis* wat betreft interhumane transmissie) en in 1-1,5% door *M. bovis*. Van deze drie subspecies is alleen *M. bovis* een zoönotische verwekker. Andere zoönotische *Mycobacterium*-species die in uitzonderlijke gevallen tuberculose veroorzaken zijn bijvoorbeeld *M. caprae*, *M. microti*, *M. orygis* en *M. pinnipedii*, maar deze spelen in Nederland bij mensen maar af en toe een rol.

2.23.1 *Mycobacterium bovis*-infecties bij de mens

Verspreiding van *M. tuberculosis* is vooral via de lucht, terwijl overdracht van *M. bovis* naar de mens meestal via gecontamineerde, niet-gepasteuriseerde melk of rauwe kaas plaatsvindt (enterale route). Zelden worden mensen door dieren met *M. bovis* besmet via de lucht, bijvoorbeeld door aerosolvorming bij de slacht. Longtuberculose die door *M. bovis* veroorzaakt wordt, komt bij de mens dan ook veel minder vaak voor. Transmissie vanuit dergelijke cases wordt vrijwel nooit waargenomen in de structurele DNA-*fingerprint*-surveillance.

In 2020 zijn er zes meldingen gedaan van tuberculose veroorzaakt door *M. bovis*. Er waren geen meldingen waarbij de ziekte veroorzaakt werd door een van de andere zoönotische *Mycobacterium*-species. Vijf patiënten (83%) waren in het buitenland geboren. Zonder uitzondering betrof dit tuberculose buiten de longen (extrapulmonale tuberculose).

Figuur 2.23.1 Tuberculosemeldingen *M. bovis* per jaar (Bron: NTR, RIVM-Cib).

Figuur 2.23.2 Leeftijdsverdeling *M. bovis*-infecties van 2010-2020.

In de periode 2010-2020 zijn in totaal 105 meldingen gedaan van tuberculose veroorzaakt door *M. bovis*, gemiddeld tien per jaar. Figuur 2.23.1 geeft een overzicht per jaar. Van 105 patiënten waren er 26 (25%) geboren in Nederland en 79 (75%) in het buitenland, van wie vijftig in Marokko. De leeftijdsdistributie van patiënten met een door *M. bovis* veroorzaakte

tuberculose verschilt sterk naar land van herkomst; 55% (veertien van 26) van de in Nederland geboren patiënten was ouder dan 65 jaar (endogene reactivatie), terwijl slechts 18% (veertien van 79) van de in het buitenland geboren patiënten tot die leeftijdscategorie behoorde (Figuur 2.23.2). Aangezien *M. bovis*-patiënten die buiten Nederland zijn geboren over het algemeen jonger zijn, moeten er nog veel bronnen van infectie aanwezig zijn in het land van herkomst.
In de periode 2010-2020 had 23% van de patiënten een longtuberculose en 77% extrapulmonale tuberculose.

2.23.2 *Mycobacterium bovis*-infecties bij dieren

De tuberculosebewaking bij landbouwhuisdieren in Nederland is vooral gebaseerd op de slachthuisbewaking (keuring na het slachten). Daarnaast vindt onderzoek door middel van tuberculinatie plaats bij export van dieren naar derde landen (landen buiten de EU), bij fokdieren voor kunstmatige inseminatiewaardigheid op spermawinstations en bij klinische verdenkingen in met name dierentuinen. Na signalering van besmette bedrijven in het buitenland, vindt bij de dieren die zijn geïmporteerd in Nederland vanuit deze buitenlandse besmette bedrijven, tuberculinatie plaats. Deze dieren zijn geïmporteerd vóórdat het buitenlandse bedrijf van oorsprong als besmet werd aangemerkt.
In 2020 werden in totaal zes monsters onderzocht door middel van bacteriële isolatie in het kader van slachthuisbevindingen, positieve tuberculinaties, verdachte sectiebeelden/organen, diagnostiek en/of traceringen van dieren afkomstig uit het buitenland, waarbij op het bedrijf van herkomst tuberculose is vastgesteld. Deze monsters waren afkomstig van runderen.
In deze monsters zijn geen tuberculoseverwekkers aangetoond evenmin, als bij 35 monsters ingezonden voor screening van overige dieren (onder andere olifanten, eekhoorn en een wallaby uit dierentuinen).
Er zijn 54 overige inzendingen ontvangen (onder andere voer/beddingmateriaal en van diverse (dierentuin) dieren) voor PCR-onderzoek op de aanwezigheid van mycobacteriën. Alle ingezonden materialen werden negatief bevonden voor PCRgebaseerde detectie van tuberculosecomplexbacteriën.

2.24 Tularemie

Miriam Maas, Miriam Koene, Lola Tulen, Jolianne Rijks, Daan Notermans, Kristin Kremer, Maaike de Vries, Frans Reubsaet

Tularemie (hazenpest) wordt veroorzaakt door de bacterie *Francisella tularensis*. In Europa komt vrijwel alleen subspecies holarctica voor. Besmettingen kunnen voorkomen bij zeer veel diersoorten, waaronder zoogdieren, vogels en invertebraten. Vooral haasachtigen en knaagdieren zijn gevoelig voor infecties en spelen een belangrijke rol bij humane besmettingen. Verschillende transmissieroutes van *F. tularensis* naar de mens zijn bekend: via steken of bijten door arthropoden (onder andere teken, dazen, muggen), via contact met besmette dieren bij een beschadigde huid, via ingestie door besmet (oppervlakte)water of voedsel, of door inhalatie van gecontamineerd stof of aerosolen. Voor zover bekend gaat de ziekte niet over van mens op mens. De infectieroute bepaalt mede hoe de ziekte zich uit. Bij besmettingen via huidlesies worden vaak ulcera en regionale lymfadenopathie gezien. Bij besmetting via inademing kan een longontsteking optreden. Orale besmetting kan resulteren in buikklachten/diarree en in orofaryngeale tularemie. Andere mogelijke verschijnselen zijn koorts, hoofdpijn, spierpijn en keelpijn.

Na decennia van afwezigheid in Nederland wordt vanaf 2011 bij patiënten weer incidenteel tularemie vastgesteld. In de periode 2011-2020 betrof dit in totaal 24 gevallen van tularemie bij mensen, waarvan twee patiënten mogelijk de besmetting in het buitenland hebben opgelopen. De infecties komen verspreid over Nederland voor, waarbij het tot nu toe steeds om individuele, op zichzelf staande gevallen gaat, met uitzondering van één casus uit 2014 waarbij twee patiënten werden besmet door het hanteren/villen van eenzelfde haas. Bij slechts een deel van alle Nederlandse gevallen kon de bron van besmetting met (redelijke) zekerheid worden achterhaald. Besmettingsroutes die bij deze mensen werden gemeld, waren een insecten- of dazenbeet, contact met een dode haas, hovenierswerkzaamheden en deelname aan een modderrace. Tularemie is sinds november 2016 een humane meldingsplichtige ziekte.

2.24.1 Tularemie bij mensen

De diagnose tularemie is gesteld in één patiënt met een eerste ziektedag in 2020. Bij een volwassen man woonachtig in Midden-Nederland ontstonden in september klinische verschijnselen als vergrote en pijnlijke lymfeklieren en koorts. De patiënt is niet in het ziekenhuis opgenomen geweest. De kweek uit een lymfeklier werd geïdentificeerd als *F. tularensis* subspecies *holarctica* door middel van fenotypische en genotypische bepalingen, onder andere qPCR en MALDITOF MS. Mogelijk is de besmetting opgelopen via een tekenbeet tijdens wandelen in een natuurgebied in de buurt van de woonplaats van de patiënt.

2.24.2 Tularemie bij dieren

In 2020 is *Francisella tularensis*-infectie bij vijf hazen (*Lepus europaeus*) uit verschillende gemeenten aangetoond.

Deze hazen waren afkomstig uit de vier provincies Gelderland (oktober), Limburg (januari), Overijssel (maart en oktober) en Utrecht (augustus). Eén van de vijf vindlocaties in Overijssel lag in een gemeente waar nog niet eerder gevallen waren geweest.

Daarnaast was er voor het eerst een aanwijzing voor het voorkomen van tularemie bij bevers (*Castor fiber*) in Nederland.[119] Er werd eind maart een vermagerde, volwassen, mannelijke bever ingestuurd uit Limburg voor pathologisch onderzoek bij het *Dutch Wildlife Health Centre* (DWHC). Het dier had een chronische hartontsteking, subacute longontsteking en abcessen in de liesstreek.

Bij het Veterinair Microbiologisch Diagnostisch Centrum (VMDC) testten lever en één van de abcessen positief voor *F. tularensis*. Beide materialen gaven een heel hoge Cp-waarde in de PCR, wat inhoudt dat er zeer weinig DNA werd aangetoond. Bij het referentielaboratorium *Wageningen Bioveterinary Research* (WBVR) kon dat niet met een PCR-test worden bevestigd. Om een vals-positief resultaat bij het VMDC uit te sluiten, werden beide PCR-producten van het VMDC opgestuurd voor sequentie-analyse, waarbij bevestigd werd dat het inderdaad om *Francisella tularensis* ging.

In 2020 zijn bij het RIVM geen wilde (knaag)dieren getest op tularemie. Wel zijn er samples verzameld van ratten en bevers, die op een later moment nog zullen worden getest.

2.24.3 *F. tularensis* in water

In 2020 werden geen watermonsters geanalyseerd, omdat geen van de vastgestelde tularemie-besmettingen bij mens of dier hiertoe aanleiding gaven. Voor de humane casus werd een tekenbeet als waarschijnlijke besmettingsbron aangewezen. Bij dode dieren met tularemie als waarschijnlijke doodsoorzaak wordt water in de omgeving alleen onderzocht als er sprake is van een cluster van dode dieren en dat was nergens het geval.

2.24.4 Clades van *F. tularensis*

In Europa wordt tularemie vrijwel uitsluitend veroorzaakt door *F. tularensis* subspecies *holarctica*, waarvan op basis van fylogenetisch onderzoek een aantal basale clades kunnen worden onderscheiden, met een duidelijke geografische verspreiding.
De belangrijkste clades zijn de zogenoemde B.6, die voornamelijk wordt gevonden in westelijke en centrale delen van Europa, terwijl clade B.12 in Centraal- en Oost-Europa voorkomt. Beide typen komen ook in Nederland voor. De patiënt die in 2020 is gemeld, was geïnfecteerd met Basal Clade B12, subclade 33.

2.25 Voedsel-gerelateerde uitbraken

Ingrid Friesema, Ife Slegers-Fitz-James, Ingeborg Boxman, Ben Wit, Eelco Franz

Het aantal geregistreerde voedsel-gerelateerde uitbraken in Nederland is gebaseerd op de meldingen die zijn geregistreerd door de NVWA en de wettelijk verplichte meldingen in Osiris van de behandelende artsen via de GGD'en bij het RIVM-CIb. De meldingen worden vervolgens samengevoegd en waar een uitbraak via beide routes is gemeld, gekoppeld tot één melding.

Niet alle voedselinfecties en -vergiftigingen hebben een zoönotische oorsprong, maar frequent voorkomende veroorzakers van uitbraken, *Campylobacter* en *Salmonella*, hebben dit bijvoorbeeld wel. Deze pathogenen worden tevens in meer detail besproken in paragraaf 2.10 respectievelijk 2.18.

Sinds 2015 worden alle meldingen van uitbraken (dat wil zeggen twee of meer zieken) bij de NVWA ingevoerd in Osiris, ongeacht of naar aanleiding van deze meldingen een inspectie en/of monstername heeft plaatsgevonden. Meldingen betreffende enkele ziektegevallen en anonieme meldingen, uitgezonderd meldingen van grote uitbraken, worden sindsdien niet meer ingevoerd. Dit is anders dan de voorgaande jaren, waarbij de invoer beperkt was tot de niet-anonieme meldingen van zowel enkele ziektegevallen als uitbraken waarbij monstername plaatsgevonden heeft. Het aantal geregistreerde voedsel-gerelateerde uitbraken wordt jaarlijks gerapporteerd door het RIVM-CIb; onderstaande cijfers zijn uit dit rapport afkomstig.

De NVWA registreerde in 2020 551 meldingen van voedsel-gerelateerde uitbraken, waarbij 1.859 mensen ziek werden (Figuur 2.25.1). Daarnaast kwamen via de meldingsplicht/GGD'en zestien meldingen van voedsel-gerelateerde uitbraken bij het RIVMCIb binnen met in totaal 201 gerelateerde zieken (Figuur 2.25.2). Door beide instanties samen werden 559 voedsel-gerelateerde uitbraken met 1.907 ziektegevallen geregistreerd (Figuur 2.25.3), waarbij acht uitbraken bij beide instanties zijn gemeld. Deze getallen zijn een onderschatting, omdat niet iedere zieke de NVWA informeert of naar de huisarts gaat, waarbij deze laatste in veel gevallen geen meldingsplicht heeft.
Het aantal geregistreerde uitbraken, en daarmee ook het totaal aantal zieken, lag in 2020 beduidend lager dan in voorgaande jaren. Het aantal uitbraken en zieken daalde in 2020 met respectievelijk 24% en 38% ten opzichte van 2019. De belangrijkste oorzaak daarvan is de coronapandemie. Eetgelegenheden zijn gedurende

vrijwel het gehele jaar gesloten of beperkt open geweest. Bijeenkomsten, feesten en festivals werden afgelast of hadden slechts een beperkt aantal bezoekers of genodigden.

De meerderheid van de uitbraken bestond uit twee tot en met vier zieken (85%), gevolgd door vijf tot en met negen zieken (14%). In 2020 waren er drie uitbraken met 35 of meer zieken, variërend van 43 tot en met 63 zieken. Bij 4% (22 uitbraken) van de uitbraken werd melding gemaakt van een ziekteverwekker. Meestal werd alleen een ziekteverwekker bij één of meer patiënten aangetroffen (3%; zeventien uitbraken), in 0,4% van de uitbraken werd door *Wageningen Food Safety Research* (WFSR) een ziekteverwekker in voedsel- en/of omgevingsmonsters aangetoond (twee uitbraken) en in 0,5% van de uitbraken werd de ziekteverwekker in één of meer patiënten en voedsel- en/of omgevingsmonsters aangetoond (drie uitbraken).

Het aantal *Campylobacter*-uitbraken was relatief normaal met acht uitbraken en 26 zieken. De grootste uitbraak (63 zieken) van 2020 werd door het norovirus veroorzaakt, met als meest waarschijnlijke bron een buffet op een boot. Norovirus werd echter in tegenstelling tot voorgaande jaren weinig gevonden in 2020: drie uitbraken met in totaal 85 zieken, aangetoond bij patiënten. Ook *Salmonella*-uitbraken kwamen met vijf uitbraken en 87 zieken minder vaak voor. Een *Salmonella* Enteritidis-uitbraak viel daarbij het meest op. Deze kwam onder de aandacht door meerdere zieken in een instelling die op basis van epidemiologisch onderzoek Turkse pizza van één specifieke horecazaak als bron bleek te hebben. Vervolgens bleek uit de *Salmonella*-labsurveillance dat er ook zieken buiten de instelling waren, opnieuw met een sterke link naar Turkse pizza. In totaal 56 zieken werden binnen deze uitbraak geregistreerd. Verder waren er drie uitbraken met *Listeria monocytogenes* (24 zieken), waarbij in alle drie een link gevonden werd met een voedselproduct (forelfilet, paling en zachte kaas). Deze links werden gevonden met behulp van de gezamenlijke RIVM/WFSR-database voor *whole genome*-sequenties, waarbij de voedsel- en omgevingsisolaten clusterden met patiëntisolaten. Bij alle drie was de besmetting tijdens het productie-/verwerkingsproces opgetreden. Verder werd er een uitbraak van shigellose met vier zieken gemeld en werd *Bacillus cereus* aangetroffen in bevroren tonijnburger (drie zieken) en neurotoxines wijzend op ciguatoxine in *red snapper* (vijf zieken).

Figuur 2.25.1 Aantal meldingen en de betrokken zieken van voedselinfecties en -vergiftigingen bij de NVWA.

Figuur 2.25.2 Aantal meldingen en de betrokken zieken van voedselinfecties en -vergiftigingen bij het RIVM-CIb.

Figuur 2.25.3 Totaal aantal meldingen en de betrokken zieken van voedselinfecties en -vergiftigingen bij het RIVM-CIb.

2.26 Geraadpleegde literatuur

1. Website Centraal Bureau voor de Statistiek, *http:/statline.cbs.nl/StatWeb/publication*.
2. Feiten en cijfers van de gezelschapsdierensector 2015, Faculteit Diergeneeskunde (Universiteit Utrecht) en HAS Den Bosch.
3. Staat van Zoönosen 2011, RIVM-rapport, *http://www.rivm.nl/Onderwerpen/Z/Ziek_door_dier/Staat_van_zoonosen*.
4. Schiphol statistieken, *http://www.schiphol.nl/SchipholGroup1/Onderneming/Statistieken/FeitenEnCijfers.htm*.
5. Vademecum Zoönosen RIVM, NVWA. 2021, *https://www.rivm.nl/vademecum-zoonosen*.
6. Gezondheidswet, *https://wetten.overheid.nl/BWBR0002202/2018-08-01*.
7. *https://wahis.oie.int/#/dashboards/country-or-disease-dashboard*.
8. HoofdstukIV. OIE World Animal Health Information System (WAHIS+), *https://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Countryinformation/Animalsituation*. Geraadpleegd op 24-6-20199.
9. LCI richtlijnen Antrax, *https://lci.rivm.nl/richtlijnen/antrax10*.
10. A history of Antrax, *http://www.cdc.gov/anthrax/history/index.html*.
11. EU Animal Disease Notification System ADNS *https://ec.europa.eu/food/animals/animal-diseases/not-system_en*.
12. *Regeling preventie, bestrijding en monitoring van besmettelijke dierziekten en zoönosen en TSE's*. 2015.
13. Spickler, A.R., *Avian Influenza Factsheet*. 2016, Iowa State University/OIE.
14. Maassen, C.B.M., et al., *Infectierisico's van de veehouderij voor omwonenden*, RIVM, Editor. 2012, RIVM: Bilthoven.
15. Maassen, C.B.M., et al., *Veehouderij en Gezondheid Omwonenden*, RIVM, Editor. 2016, RIVM: Bilthoven.
16. *FAO H7N9 Situation update*. 2019; Available from: *http://www.fao.org/ag/againfo/programmes/en/empres/h7n9/situation_update.html*.
17. *Influenza at the human-animal interface; Summary and assessment*, W.H. Organization, Editor. 2018, World Health Organization.
18. Kang, M., et al., *Epidemiology of human infections with highly pathogenic avian influenza A(H7N9) virus in Guangdong, 2016 to 2017*. Euro Surveill, 2017. **22**(27).
19. RIVM, *LCI-Richtlijn Influenza van dierlijke oorspong*. 2014, RIVM, Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu.
20. RIVM, *LCI-Draaiboek Aviaire influeza*. 2019, RIVM, Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu: Bilthoven.
21. LCI-Richtlijn Botulisme. 2019, RIVM: Bilthoven, beschikbaar via: *https://lci.rivm.nl/richtlijnen/botulisme*.
22. De Boer, M.G.J., et al., Uitbraak van voedselgerelateerde botulisme op een minicruise. Nederlands Tijdschrift voor Geneeskunde, 2009. 153: p. B251.
23. Swaan, C.M., et al., Cluster of botulism among Dutch tourists in Turkey, June 2008. Euro Surveill, 2010. **15**(14).
24. Hintaran, A.D., et al., Botulisme bij een Poolse arbeider in Zeist. Tijdschrift voor Infectieziekten, 2017. **12**(3): p. 84-87.
25. *https://lci.rivm.nl/richtlijnen/brucellose*.
26. LCI richtlijnen, *https://lci.rivm.nl/richtlijnen/creutzfeldt-jakob-ziekte-van*.
27. Greener, M. vCJD: 30 years later. Progr Neurol Psych, 2015. 19(3), 28-30.
28. NCJDRSU. (2018) Variant CJD cases worldwide. *http://www.cjd.ed.ac.uk/sites/default/files/worldfigs.pdf*. Maart 2018.
29. NCJDRSU. (2018). Creutzfeldt-Jakob disease in the UK (by calendar year). *http://www.cjd.ed.ac.uk/sites/default/files/figs_2.pdf*. Mei 2018.
30. Wageningen University & Research: Kwade droes. Beschikbaar via: *https://www.wur.nl/nl/OnderzoekResultaten/Onderzoeksinstituten/BioveterinaryResearch/Dierziekten/Bacteriele-ziekten/Kwadedroes-1.htm*.
31. Spickler, A.R., Glanders factsheet. 2018, Iowa State University/OIE, beschikbaar via: *http://www.cfsph.iastate.edu/Factsheets/pdfs/glanders.pdf*.
32. Van Zandt, et al., An overview of infection in humans. Orphanet J Rare Dis, 2013. **8**: p. 131.
33. Lapo Mughini-Gras, et al.,. Sources and transmission routes of campylobacteriosis: A combined analysis of genome and exposure data. *Journal of Infection Volume 82, Issue 2*, February 2021, Pages 216-226.
34. Bouwknegt, M., et al., *Potential association between the recent increase in campylobacteriosis incidence in the Netherlands and proton-pump inhibitor use – an ecological study*. Euro Surveill, 2014. 19(32).
35. LCI-Richtlijn Echinokokkose. 2000, RIVM: Bilthoven, beschikbaar via: *https://lci.rivm.nl/richtlijnen/echinokokkose*.
36. Stijnis, C., et al., First case of *Echinococcus vogeli* infection imported to the Netherlands, January 2013. Euro Surveill, 2013. **18**(15): p. 20448.
37. Uiterwijk, M., et al., Staat van Zoonosen 2015. 2016, RIVM, Rapport 2016-0139, beschikbaar via: *https://www.rivm.nl/publicaties/staat-van-zoonosen-2015*.
38. Spierenburg, M.A.H., et al., Risico op herintroductie van *Echinoccus granulosus* in Nederland door import van runderen en honden uit endemische gebieden. Tijdschr Diergeneeskd, 2017. **142**(7): p. 30-35.

39. van der Giessen, J.W., et al., Detection of *Echinococcus multilocularis* in foxes in The Netherlands. Vet Parasitol, 1999. **82**(1): p. 49-57.
40. Maas, M., et al., Significant increase of *Echinococcus multilocularis* prevalence in foxes, but no increased predicted risk for humans. Vet Parasitol, 2014. **206**(3-4): p. 167-72.
41. Maas, M., et al., First findings of *Trichinella spiralis* and DNA of *Echinococcus multilocularis* in wild raccoon dogs in the Netherlands. Int J Parasitol Parasites Wildl, 2016. **5**(3): p. 277-279.
42. Maas, M., et al., Vossenlintwormonderzoek in Groningen en Drenthe: 2016-2017. 2017, RIVM, Briefrapport 2017-0157, beschikbaar via: *https://www.rivm.nl/bibliotheek/rapporten/2017-0157.pdf*.
43. Uiterwijk, M., et al., Staat van Zoonosen 2016. 2017, RIVM.
44. *https://www.gddiergezondheid.nl/diergezondheid/dierziekten/listeriose-kleine-herkauwers*.
45. Ranasinghe RASS, et al., Persistence of *Listeria monocytogenes* in food commodities: foodborne pathogenesis, virulence factors, and implications for public health. Food Research. 2021;5(1):1-19.
46. Filipello V, et al., Attribution of *Listeria monocytogenes* human infections to food and animal sources in Northern Italy. Food Microbiol. 2020;89:103433.
47. Schlech WF. Epidemiology and Clinical Manifestations of *Listeria monocytogenes* Infection. Microbiol Spectr. 2019;7(3).
48. Lci richtlijnen listeriose, *https://lci.rivm.nl/richtlijnen/listeriose*.
49. Maertens de Noordhout C, et al., *The global burden of listeriosis: a systematic review and meta-analysis. The Lancet Infectious diseases.* 2014;14(11):1073-82.
50. Chlebicz A, et al., Campylobacteriosis, Salmonellosis, Yersiniosis, and Listeriosis as Zoonotic Foodborne Diseases: A Review. International Journal of Environmental Research and Public Health. 2018;15(5).
51. Verordening (EU) nr. 2073/2005, *http://eur-lex.europa.eu/legal-content/NL/TXT/?uri=celex:32005R2073*.
52. Maes P. et al., *Taxonomy of the family Arenaviridae and the order Bunyavirales: update 2018 Archives of Virology*, 2018.
53. Verner-Carlsson J., et al., *First evidence of Seoul hantavirus in the wild rat population in the Netherlands. Infection ecology & epidemiology*, 2015. 5, 27215.
54. Cuperus, T., et al., *Seoul virus in pet and feeder rats in The Netherlands. Viruses*, 2021. 13(3), 443.
55. Reusken, C., *Towards a monitoring and surveillance system for rodent-borne diseases in the Netherlands. RIVM briefrapport* 2010. 145/10 LZO/CR.
56. Voutilainen, L., et al., *Life-long shedding of Puumala hantavirus in wild bank voles (Myodes glareolus). Journal of General Virology*, 2015. **96**(6), 1238-1247.
57. Heijne M., et al. *One health-samenwerking in de aanpak van psittacose, Ned. Tijdschrift Med. Microbiol*, 2017. **25**(2).
58. Sachse K., et al. *Emendation of the family Chlamydiaceae: proposal of a single genus, Chlamydia, to include all currently recognized species. Syst Appl Microbiol*. 2015. **38**(2):99-103. doi: 10.1016/j.syapm.2014.12.004.
59. Vlaanderen, F., Staat van Zoönosen 2019, 2020.
60. Zaręba-Marchewka, K., et al., *Chlamydiae - What's New?. Journal of veterinary research*, 2020. 64(4), 461–467. https://doi.org/10.2478/jvetres-2020-0077
61. *Chlamydia abortus* verwaarloosbaar voor volksgezondheid, *https://www.rivm.nl/nieuws/chlamydia-abortus-verwaarloosbaarrisico-voor-volksgezondheid*.
62. Ramakers B.P., et al. *Zoonotic Chlamydia caviae presenting as community-acquired pneumonia.* N Engl J Med. 2017. 7;377(10):992-994.
63. Burt SA, et al., *M. Chlamydia psittaci and C. avium in feral pigeon (Columba livia domestica) droppings in two cities in the Netherlands. The Veterinary quarterly.* 2018:1-4.
64. Wheelhouse N., et al. *Endemic and Emerging Chlamydial Infections of Animals and Their Zoonotic Implications. Transboundary and Emerging Diseases*, 2012. **59**: 283–291.
65. Tan M., et al., *Evaluation of the presence and zoonotic transmission of Chlamydia suis in a pig slaughterhouse, BMC Infectious Diseases* 2014. **14**:560.
66. De Puysseleyr K. et al., *Evaluation of the presence and zoonotic transmission of Chlamydia suis in a pig slaughterhouse, BMC Infectious Diseases*, 2014. **14**:560.
67. *https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25881058*.
68. *https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/8386891*.
69. *https://magazines.rivm.nl/2019/03/infectieziekten-bulletin/een-pati%C3%ABnt-met-rabi%C3%ABs-public-health-perspectief*.
70. *https://magazines.rivm.nl/2019/03/infectieziekten-bulletin/een-pati%C3%ABnt-met-rabi%C3%ABs-public-health-perspectief*.
71. LCI-richtlijn Rabiës, *https://lci.rivm.nl/richtlijnen/rabies*.
72. *www.vleermuis.net*.
73. OIE, Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals 2017: *http://www.oie.int/en/standard-setting/terrestrialmanual/access-online/*.
74. *https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/272371/WER9316.pdf?ua=1*.
75. Verordening (EG) nr. 853/2004 E. Union, Editor. 2004.
76. Mughini-Gras, L., et al., *Increase in reptile-associated human salmonellosis and shift toward adulthood in the age groups at risk, the Netherlands, 1985 to 2014.* Euro Surveill, 2016. 21(34)
77. *https://www.scmp.com/news/hong-kong/health-environment/article/3076480/coronavirus-hong-kongsinfected-dogs-were*.

78. *https://www.uu.nl/organisatie/faculteit-diergeneeskunde/ons-onderzoek/samenwerkingsverbanden/netherlands-centre-for-one-health-ncoh/fighting-covid-19-in-animalsand-humans*.
79. Mughini-Gras L., et al., *Attribution of human infections with Shiga toxin-producing Escherichia coli (STEC) to livestock sources and identification of source-specific risk factors, The Netherlands (2010-2014). Zoonoses Public Health*, 2018. **65**: e8-e221.
80. LCI richtlijn STEC, *https://lci.rivm.nl/richtlijnen/shigatoxineproducerende-ecoli-stec-infectie*.
81. Friesema I.H.M., et al. (2017) Surveillance van shigatoxine-producerende *Escherichia coli* (STEC) in Nederland, 2016. Infectieziekten Bulletin (7).
82. Bouwknegt, M., et al., *De ziektelast van voedsel-gerelateerde infecties in Nederland*, 2009-2012. Infectieziektenbulletin, 2015. **26**(1): p. 10-13.
83. Torgerson, P.R., et al., *The global burden of foodborne parasitic diseases: an update*. Trends Parasitol, 2014. **30**(1): p. 20-6.
84. Dubey, J.P., *Comparative infectivity of oocysts and bradyzoites of Toxoplasma gondii for intermediate (mice) and definitive (cats) hosts*. Vet Parasitol, 2006. **140**(1-2): p. 69-75.
85. Opsteegh, M., et al., *Seroprevalence and risk factors for Toxoplasma gondii infection in domestic cats in The Netherlands*. Prev Vet Med, 2012. **104**(3-4): p. 317-26.
86. Sutterland, A. L., et l., *Beyond the association. Toxoplasma gondii in schizophrenia, bipolar disorder, and addiction: systematic review and meta-analysis. Acta Psychiatrica Scandinavica*, 2015. **132**(3), 161-179.
87. Sutterland, A. L., et al., *Driving us mad: the association of Toxoplasma gondii with suicide attempts and traffic accidents–a systematic review and meta-analysis*. Psychological medicine, 2019. **49**(10), 1608-1623.
88. de Bles, N. J., et al., *Toxoplasma gondii seropositivity in patients with depressive and anxiety disorders. Brain, Behavior, & Immunity-Health*, 2021. **11**, 100197.
89. Kortbeek, L. M., et al., *Population-based Toxoplasma seroprevalence study in The Netherlands*. Epidemiology & Infection, 2004. **132**(5), 839-845.
90. Hofhuis, A., et all., *Decreased prevalence and age-specific risk factors for Toxoplasma gondii IgG antibodies in The Netherlands between 1995/1996 and 2006/2007*. Epidemiology & Infection, 2011. **139**(4), 530-538.
91. *https://eacademy.escmid.org/escmid/2021/eccmid-2021/327561/kamelia.stanoeva.3Cem3Etoxoplasma3C.em3E.seroprevalence.in.the.netherlands.html?f=listing%3D0%2Abrowseby%3D8%2Asortby%3D1%2Asearch%3Dstanoeva*.
92. *https://www.rivm.nl/bibliotheek/rapporten/2020-0117.pdf*.
93. van den Brom, R., et al., *Abortion in small ruminants in the Netherlands between 2006 and 2011*. Tijdschr Diergeneeskd, 2012. **137**(7): p. 450-7.
94. Opsteegh, M., et al., *Relationship between seroprevalence in the main livestock species and presence of Toxoplasma gondii in meat (GP/EFSA/BIOHAZ/2013/01) An extensive literature review. Final report*. 2016, EFSA.
95. Opsteegh, M., et al., *Experimental studies on Toxoplasma gondii in the main livestock species (GP/EFSA/BIOHAZ/2013/01) Final report*. 2016, EFSA.
96. Opsteegh, M., et al., *The relationship between the presence of antibodies and direct detection of Toxoplasma gondii in slaughtered calves and cattle in four European countries*. Int J Parasitol, 2019. **49**(7): p. 515-522.
97. Swanenburg, M., et al., *Large-scale serological screening of slaughter pigs for Toxoplasma gondii infections in The Netherlands during five years (2012–2016): Trends in seroprevalence over years, seasons, regions and farming systems*. Veterinary Parasitology: X, 2019. **2**: p. 100017.
98. Krijger, I. M., et al., *Wild rodents and insectivores as carriers of pathogenic Leptospira and Toxoplasma gondii in The Netherlands*. Veterinary medicine and science, 2020. **6**(3), 623-630.
99. Meerburg, B. G., et al., *Neospora caninum and Toxoplasma gondii in brain tissue of feral rodents and insectivores caught on farms in the Netherlands*. Veterinary parasitology, 2012. **184**(2-4), 317-320.
100. Kijlstra, A., et al., *The role of rodents and shrews in the transmission of Toxoplasma gondii to pigs*. Veterinary parasitology, 2008. **156**(3-4), 183-190.
101. Opsteegh, M., et al., *A quantitative microbial risk assessment for meatborne Toxoplasma gondii infection in The Netherlands*. Int J Food Microbiol, 2011. **150**(2-3): p. 103-14.
102. Deng, H., et al., *The effect of salting on Toxoplasma gondii viability evaluated and implemented in a quantitative risk assessment of meatborne human infection*. International journal of food microbiology, 2020. **314**, 108380.
103. Opsteegh, M., et al., *Methods to assess the effect of meat processing on viability of Toxoplasma gondii: towards replacement of mouse bioassay by in vitro testing*. International journal for parasitology, 2020. **50**(5), 357-369.
104. Deng, H., et al., *Digging into Toxoplasma gondii infections via soil: A quantitative microbial risk assessment approach*. Science of The Total Environment, 2020. **755**, 143232.
105. Suijkerbuijk, A.W.M., et al., *The design of a Social Cost-Benefit Analysis of preventive interventions for toxoplasmosis: An example of the One Health approach*. Zoonoses Public Health, 2018. **65**(1): p. 185-194.
106. Marinović, A. A. B., et al., *Prospects of toxoplasmosis control by cat vaccination*. Epidemics, 2020. **30**, 100380.

107. Suijkerbuijk, A.W.M., et al., *A social cost-benefit analysis of two One Health interventions to prevent toxoplasmosis*. PLoS One, 2019. **14**(5): p. e0216615.
108. *https://www.knsnet.nl/invriezen-van-filet-americain*.
109. Van Asseldonk, M. A. P. M., et al., *Break-even analysis of costs for controlling Toxoplasma gondii infections in slaughter pigs via a serological surveillance program in the Netherlands*. Preventive veterinary medicine, 2017. **138**, 139-146.
110. Van Wagenberg, C. P., et al., *Behavioural factors of Dutch pig producers related to control of toxoplasma gondii infections in pigs*. Preventive veterinary medicine, 2020. **176**, 104899.
111. Krivokapich, S.J., et al., *Trichinella patagoniensis n. sp. (Nematoda), a new encapsulated species infecting carnivorous mammals in South America*. Int J Parasitol, 2012. **42**(10): p. 903-10.
112. Pozio, E., *World distribution of Trichinella spp. infections in animals and humans*. Vet Parasitol, 2007. **149**(1-2): p. 3-21.
113. Jovic, S., et al., *Infectivity of Trichinella spiralis larvae in pork buried in the ground*. Parasite, 2001. **8**(2 Suppl): p. S213-5.
114. Lacour, S.A., et al., *Freeze-tolerance of Trichinella muscle larvae in experimentally infected wild boars*. Vet Parasitol, 2013. **194**(2-4): p. 175-8.
115. Pozio, E., *The broad spectrum of Trichinella hosts: from cold- to warm-blooded animals*. Vet Parasitol, 2005. **132**(1-2): p. 3-11.
116. RIVM, *LCI-Richtlijn Trichinellose*. 2010, RIVM, Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu: Bilthoven.
117. Messiaen, P., et al., Outbreak of trichinellosis related to eating imported wild boar meat, Belgium, 2014. *Eurosurveillance*, **21**(37), 30341.
118. *Uitvoeringsverordening (EU)* 2015/1375 E. Union, Editor. 2015.
119. *https://www.dwhc.nl/bever-tularemie-limburg/*.

3 Uitgelicht

3.1 SARS-CoV-2 bij nertsen

Mauro De Rosa, Ingrid Keur, Harry Rozendaal

Zoals aangegeven in hoofdstuk 2 zijn op meerdere nertsenbedrijven in Nederland in 2020 SARS-CoV-2-besmettingen aangetroffen.

Na de eerste vrijwillige meldingen is er een meldplicht uitgevaardigd voor verschijnselen van SARS-CoV-2 bij nertsen, een vervoersverbod van nertsen en mest ingesteld, is er een aangescherpt hygiëneprotocol ingegaan en een bezoekersverbod. Daarnaast is er verplicht dat honden en katten op het bedrijf blijven. Alle bedrijven zijn gescreend op antistoffen tegen SARS-CoV-2 en er is een *Early Warning Systeem* (EWS) ingeregeld, waarbij wekelijks natuurlijk gestorven nertsen onderzocht werden op SARS-CoV-2 door middel van PCR.

Toen bleek dat de verspreiding van het virus onder de nertsen niet stopte, is besloten deze bedrijven te ruimen. Dit besluit hebben minister Schouten van Landbouw, Natuur en Voedselkwaliteit en minister De Jonge van Volksgezondheid op 3 juni 2020 genomen op basis van het advies van het *Outbreak Management Team Zoönosen* (OMT-Z)[2] en van het Bestuurlijk Afstemmingsoverleg Zoönosen (BAO-Z).[3]

Uit het advies blijkt dat het virus langdurig kan blijven circuleren op nertsenbedrijven en daarmee een risico kan vormen voor de volksgezondheid en de diergezondheid. Deze adviezen zijn gebaseerd op onder andere uitgebreide onderzoeken uitgevoerd op de besmette bedrijven.

Het onderzoekconsortium concludeerde onder andere dat[4]: 1) SARS-CoV-2-infectie kan leiden tot pneumonie bij nertsen en ook tot sterfte (Figuur 3.1.1), maar de morbiditeit en mortaliteit kan sterk wisselen van bedrijf tot bedrijf. 2) De variatie in de sequenties van het virus wijst op nertstransmissie binnen de bedrijven; dit wordt verder ondersteund door de zeer hoge seroprevalentie onder de nertsen. 3) Virus RNA is aangetoond in de inhaleerbare stoffractie in de stal en in persoonlijke monsters; dit wijst op blootstelling aan virus van personen in de stal. 4) Op grond van de genetische code van het virus en de blootstellingsgeschiedenis is het waarschijnlijk dat op twee bedrijven ten minste één persoon besmet is door een nerts. 5) In de databank van virusgenomen van Covid-19-patiënten in Nederland zijn geen sequenties aanwezig die ontstaan kunnen zijn uit het virus dat bij de nertsen op de onderzochte (vier) bedrijven circuleert (met uitzondering van de onder conclusie 4 genoemde personen).

Bij alle 69 besmette bedrijven is onderzoek gedaan naar de bron van de virusbesmetting.[5] Het is niet met honderd procent zekerheid vast te stellen hoe de nertsen besmet zijn geraakt. In een aantal gevallen zijn de nertsen waarschijnlijk besmet door medewerkers en hebben de nertsen vervolgens elkaar binnen het bedrijf besmet. Er zijn aanwijzingen dat bedrijven die dicht bij een besmet bedrijf lagen, meer kans op besmetting hadden (Figuur 2.19.1, pagina 49).

Op 28 augustus 2020 heeft het kabinet besloten dat alle nertsenbedrijven vóór het volgende productieseizoen moesten stoppen. Sinds 8 januari 2021 is het verboden om nertsen te houden voor bontproductie en zijn inmiddels alle Nederlandse nertsenbedrijven leeg. Ook in het buitenland (Spanje, Polen, China, VS) werd een aantal nertsenbedrijven besmet met SARS-CoV-2. De omvangrijkste uitbraak vond plaats in Denemarken.[6]

3.2 Westnijlkoorts en westnijl-neurologisch-syndroom

Eelco Franz, Hans van den Kerkhof, Chantal Reusken, Marieta Braks

Het westnijlvirus (WNV) is een flavivirus dat voorkomt bij vogels en wordt overgebracht door steekmuggen, met name van het geslacht Culex. Incidenteel wordt het virus ook overgedragen op mensen en andere zoogdieren, zoals paarden. De mens en het paard zijn zogenoemde *dead end hosts*. Dit betekent dat zij niet bijdragen aan een verdere verspreiding van het virus via muggen. Dat komt doordat er onvoldoende virus in het bloed van mens of paard aanwezig is. Overdacht van mens op mens via orgaandonatie of bloedtransfusie is beschreven. Het risico op overdracht via bloedtransfusie wordt nihil door het screenen van donoren op

Figuur 3.1.1. Sterfte bij de volwassen dieren op NB (nertsenbedrijf) 1-4, uitgedrukt als percentage van de fokpopulatie op de desbetreffende locaties.[7]

aanwezigheid van het genetische materiaal van het virus in regio's waar circulatie van het virus bekend is. Bij de mens verlopen de meeste infecties (circa 80%) asymptomatisch, soms met een griepachtig ziektebeeld (circa 20%, westnijlkoorts of WNF genoemd) en bij 1% kan infectie leiden tot (ernstige) neurologische klachten zoals (meningo-)encefalitis, meningitis of myelitis, zich manifesterend als acute slappe verlamming (westnijl-neurologisch-syndroom of WNND genoemd). Bij tot 17% van deze laatste groep patiënten kan een dergelijk beloop van de infectie leiden tot mortaliteit.[8] Bij paarden krijgt ongeveer 10% van de dieren ernstige klachten. Paarden kunnen gevaccineerd worden tegen WNV, hoewel dit tot nu toe in Nederland nog slechts incidenteel wordt gedaan en dan met name voor paarden die bedoeld zijn voor de export of bij deelname aan internationale wedstrijden.

WNF en WNND komen al geruime tijd voor in het zuidoosten van Europa en in het Middellandse Zeegebied. De afgelopen jaren verspreidde het WNV zich meer noordwaarts, waaronder Duitsland in 2018. Naar aanleiding van deze bevindingen werden In 2018 de voorbereidingen op een eventuele introductie met lokale circulatie van WNV in Nederland geïntensiveerd. Een multidisciplinair team vanuit de veterinaire, humane en entomologische sector heeft diverse surveillance-, preventie- en bestrijdingsopties doorgelicht en afgewogen. Dit in nauw overleg, ook met experts van andere landen in Europa waar WNV reeds endemisch voorkwam. Met de detectie van de eerste WNV-infecties in vogels, muggen en mensen in het najaar van 2020 kwam Nederland in een nieuwe fase terecht.

De eerste vaststelling van een WNV-infectie was bij een wilde vogel en vervolgens bij muggen die gevangen waren in de nabije omgeving van deze vogel in de regio Utrecht.[9] In oktober 2020 werd in dezelfde regio de eerste autochtone humane WNV-infectie vastgesteld; die was medio augustus opgelopen.[10] In 2020 is WNV-infectie in Nederland vastgesteld bij acht personen uit de regio's Utrecht en Arnhem. De vaststelling van humane gevallen van WNND leidde onmiddellijk tot het screenen van donoren in de regio waar de infectie vermoedelijk is opgelopen. In paarden is tot dusverre geen WNV aangetroffen. Ook bij serologische en moleculaire screening door bloedbank Sanquin in de regio Utrecht zijn tot dusverre geen aanwijzingen voor additionele recente of eerder doorgemaakte in Nederland opgelopen WNV-infecties gevonden.

In Europa is WNV-transmissie seizoensgebonden. Het potentiële transmissieseizoen in Nederland is gerelateerd aan de periode waarin de belangrijkste WNV-vector, *Culex pipiens*, actief is, namelijk ongeveer van 1 mei tot 30 oktober. In Nederland is recent een integraal surveillancesysteem voor WNV in mensen, paarden, vogels, en muggen opgezet. Het doel van deze surveillance is om de situatie in beeld te krijgen voor de vaststelling van de epidemiologische situatie welke is gedefinieerd in vier epidemiologische fasen:

1. Geen WNV-activiteit: WNV-activiteit (nog) niet vastgesteld voor huidige seizoen.
2. Autochtone circulatie WNV: Signa(a)len uit surveillancesystemen in vogels en/of muggen dat WNV in Nederland circuleert.
3. WNV-overloop of *spill over*: Signa(a)len uit surveillancesystemen in mensen en/of paarden dat WNV wordt overgedragen door muggen op mensen of paarden.
4. WNV-uitbraak: Signa(a)len dat er wijdverbreide WNV-circulatie (verspreiding in plaats) of toename van *spill over* (uitbreiding in aantallen) in (een regio in) Nederland is.

De mate en vorm van respons ten behoeve van de volksgezondheid wordt bepaald door de epidemiologische fase in een bepaalde locatie. Om te kunnen bepalen wat de heersende fase is, worden signalen vanuit de verschillende surveillancesystemen bijeengebracht, besproken en geduid binnen het door het CIb voorgezeten multidisciplinaire *WNV response team*, waarna vervolgens een gezamenlijk besluit wordt genomen of een nieuwe fase is aangebroken. Details zijn beschreven in *Westnijlvirus in Nederland: Aanpak Surveillance en respons*. Met ingang van 1 mei 2021 screent Sanquin alle bloeddonaties uit de regio's met humane WNND-gevallen in 2020.

3.3 *Baylisascaris procyonis*

Miriam Maas

Baylisascaris procyonis is een zoönotische spoelworm van de wasbeer. Wasberen zijn in de jaren vijftig geïmporteerd vanuit Amerika naar Duitsland en hebben zich sindsdien verspreid over Europa. Momenteel worden wasberen vooral in de provincie Limburg regelmatig waargenomen in het wild. In deze provincie wordt de wasberenpopulatie beheerd door ze actief weg te vangen.

De gevangen wasberen worden vervolgens bij Stichting AAP opgevangen. Tijdens de quarantaineperiode controleert Stichting AAP microscopisch of de wasberen besmet zijn met *Baylisascaris procyonis*. In 2019 en 2020 heeft het RIVM aanvullend microscopisch en moleculair onderzoek uitgevoerd op gevangen wasberen. Microscopische bevindingen werden moleculair met PCR-onderzoek en sequentieanalyse bevestigd. Bij 14/23 (61%) wasberen is de wasberenspoelworm gevonden. Daarnaast is genetisch materiaal van zowel de wasberen als de wasberenspoelworm uit Nederland vergeleken met omliggende landen. Hieruit bleek dat de wasberenpopulatie in Limburg momenteel een aparte populatie is, die waarschijnlijk is ontstaan door ontsnapte of losgelaten wasberen. Het is wel de verwachting dat op termijn wasberen vanuit Duitsland en België zich naar Limburg verspreiden.[11]

Bij besmette wasberen worden spoelwormeieren via de ontlasting uitgescheiden naar de omgeving, waar zij lange tijd kunnen overleven. Met wildcamera's bij latrines (poepplekken van wasberen) is onderzocht welke wilde dieren in contact komen met wasberenfeces en dus mogelijk ook besmet kunnen raken met *Baylisascaris procyonis*. Er werden veel endemische wilde diersoorten op camera gezien, waarvan een aantal, ook al beschreven, gevoelig is voor wasberenspoelworm. Hoewel dit laatste in Nederland nog niet is gevonden, bestaat dus wel dit risico. Bij wasberen zelf geeft *Baylisascaris procyonis* meestal geen verschijnselen, tenzij een wasbeer zoveel wormen heeft dat de dunne darmen gedeeltelijk of geheel verstopt raken. Dit gebeurt vaker in jonge wasberen, omdat jonge wasberen vaak veel wormen in de darmen hebben.

Besmette wasberen kunnen miljoenen eitjes per dag uitscheiden met de mest. Jonge wasberen scheiden vaak meer eitjes uit dan volwassen dieren. De eitjes ontwikkelen zich in twee tot vier weken (afhankelijk van de temperatuur en de luchtvochtigheid) tot een infectieus stadium en kunnen jarenlang infectieus blijven in de omgeving. Naast wasberen is het bekend dat ook honden in mindere mate eindgastheer zijn voor *Baylisascaris procyonis*. Mensen en vogels zijn incidentele gastheren. Als infectieuze eitjes worden opgegeten door mensen, kunnen de larven uitkomen en zich verplaatsen door het lichaam. Dit veroorzaakt in zeldzame gevallen ernstige schade in organen en hersenen.

3.4 Geraadpleegde literatuur

1. *https://www.rivm.nl/publicaties/annual-report-surveillance-of-influenza-and-other-respiratory-infections-in-0*.
2. *https://www.rijksoverheid.nl/documenten/brieven/2020/07/17/advies-nav-omt-z-nertsen-en-sars-cov-2*.
3. *https://wetten.overheid.nl/BWBR0031503/2018-08-01*.
4. *https://www.rijksoverheid.nl/onderwerpen/coronavirus-covid-19/documenten/rapporten/2020/07/31/eindrapportage-sars-cov-2-bij-besmette-nertsenbedrijven*.
5. *https://www.rijksoverheid.nl/onderwerpen/coronavirus-covid-19/documenten/publicaties/2021/04/12/onderzoek-naar-besmettingsroutes-van-sarscov-2-op-nertsenbedrijven*.
6. *https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33445704/*.
7. *https://www.rijksoverheid.nl/onderwerpen/coronavirus-covid-19/documenten/rapporten/2020/07/31/eindrapportage-sars-cov-2-bij-besmette-nertsenbedrijven*.
8. *https://www.ecdc.europa.eu/en/west-nile-fever/facts*.
9. Sikkema RS et al., *Detection of West Nile virus in a common whitethroat (Curruca communis) and Culex mosquitoes in the Netherlands, 2020. Euro Surveill* 2020 Oct;25(40):2001704. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2020.25.40.2001704.
10. Danique RM et al., *First autochthonous human West Nile virus infections in the Netherlands, July to August 2020. Euro Surveill* 2020 Nov;25(46):2001904. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2020.25.46.2001904.
11. Maas, Miriam, et al. "Population genetics, invasion pathways and public health risks of the raccoon and its roundworm *Baylisascaris procyonis* in northwestern Europe." *Transboundary and emerging diseases* (2021).

4 Emerging zoonoses

Mauro De Rosa, Wim van der Poel, Corien Swaan, Kitty Maassen, Mark van Passel, Eelco Franz, Ingrid Friesema, Harry Rozendaal, Tryntsje Cuperus, Ingrid Keur, Frits Vlaanderen, Joke van der Giessen

4.1 Inleiding

Op 27 februari 2020 werd voor het eerst in Nederland bij een patiënt COVID-19 vastgesteld (zie hoofdstuk 2.19). In september 2020 zijn er vogels, muggen en acht mensen positief getest op het westnijlvirus (zie hoofdstuk 3.2). COVID-19 en westnijlkoorts kunnen beschouwd worden als *emerging zonoses*. Emerging zoonoses zijn zöonosen die worden veroorzaakt door nieuwe ziekteverwekkers of door reeds bekende ziekteverwekkers die voorkomen op plaatsen of bij soorten waar de ziekte eerder niet voorkwam. Om de risico's op toekomstige uitbraken in Nederland te verkleinen is er in 2021 een expertgroep bijeengebracht om aanbevelingen te geven. In juli 2021 heeft deze expertgroep het adviesrapport Zoönosen in het vizier uitgebracht (zie afbeelding 4.1.1).

Nederland is in principe kwetsbaar voor emerging zoonoses. Doordat er in Nederland relatief veel mensen en dieren op een klein gebied leven, zouden emerging zoonoses zich snel kunnen verspreiden. Emerging zoonoses kunnen in Nederland geïntroduceerd worden doordat mensen naar het buitenland reizen en doordat landbouwdieren en gezelschapsdieren steeds vaker vanuit het buitenland naar Nederland vervoerd worden.[1]

Emerging zoonoses kunnen worden opgedeeld op basis van reservoirs. Deze reservoirs zijn onder te verdelen in vier hoofdgroepen: gezelschapsdieren, landbouwhuisdieren, vectoren (zoals teken en muggen) en wilde dieren (zie afbeelding 4.1.1). Vooral wilde dieren spelen wereldwijd een grote rol bij het uitbreken van emerging zoonoses. Ongeveer driekwart van alle emerging zoonoses zijn oorspronkelijk afkomstig van wilde dieren zoals vleermuizen, vogels en knaagdieren. In dit hoofdstuk wordt dieper ingegaan op een aantal emerging zoonoses die belangrijk zijn voor Nederland. Verder wordt aandacht besteed aan omstandigheden die kunnen bijdragen aan uitbraken van emerging zoönoses.

Afbeelding 4.1.1 Adviesrapport Zoönosen in het vizier.

4.2 Emerging zoonoses die belangrijk zijn voor Nederland

In deze paragraaf wordt er dieper ingegaan op vijf emerging zoonoses die belangrijk zijn voor Nederland: hepatitis E (landbouwhuisdieren en wilde dieren), tekenencefalitis (vectoren), vossenlintworm (wilde dieren), vogelgriep (wilde dieren en landbouw-huisdieren) en *Brucella canis* (gezelschapsdieren).

4.2.1 Hepatitis E

Hepatitis E-virus (HEV) is een enkelstrengs RNA-virus en wereldwijd de meest voorkomende oorzaak van acute virale leverinfectie.[2] Vier genotypen (Gt) van HEV kunnen verantwoordelijk zijn voor humane infecties. HEV Gt1 en Gt2 komen alleen bij mensen voor en worden vaak gezien in lage-inkomenslanden en mensen met een reisanamnese. HEV Gt3 en Gt4 infecteren naast mensen ook dieren, waaronder varkens, herten en everzwijnen.

Verspreiding

In Europese landen komt met name HEV Gt3 voor.[3] Een infectie met HEV Gt3 verloopt vaak asymptomatisch of met milde symptomen zoals algehele malaise, die acuut zijn en spontaan verdwijnen. Bij mensen met een verminderde afweer daarentegen, kan een HEV Gt3-infectie chronisch worden en resulteren in ernstige leverziekte (leverfibrose en -cirrose).[4] Bovendien wordt steeds meer bekend over HEV-infecties die zich buiten de lever manifesteren, en onder meer neurologische aandoeningen veroorzaken.[5]

In Nederland is een hoge HEV-seroprevalentie van 24% gevonden in bloeddonoren, wat betekent dat ongeveer een kwart van de bloeddonoren gedurende hun leven geïnfecteerd is geweest met HEV.[6] In 2013/2014 werd in één op 762 bloeddonaties HEV-RNA gevonden, wat vaker is dan in veel andere Europese landen.[7] De epidemiologie van HEV Gt3 is niet volledig bekend, maar transmissie van persoon tot persoon lijkt zelden voor te komen.8 Waarschijnlijkere routes van humane infectie zijn bloedtransfusie en orgaantransplantatie, gecontamineerd water, (in)direct contact met mest van geïnfecteerde dieren en consumptie van gecontamineerd vlees dat niet (voldoende) verhit is.[8]

De consumptie van gecontamineerd niet-verhit varkensvlees lijkt de belangrijkste route waardoor mensen geïnfecteerd raken met HEV Gt3 en 4. Dit wordt aangenomen op basis van de hoge overeenkomst tussen HEV Gt3-subtypen in varkens en mensen[3], de hoge prevalentie in varkens aan de slachtlijn van circa 15%[9] en uitkomsten van patiëntcontrole-studies (Mooij 2018, Tulen 2019) en meerdere risicofactorstudies. In een Nederlandse risicofactorstudie werd een associatie gevonden tussen HEV-seropositiviteit en het eten van droge worsten, zoals cervelaat en salami[10] en alhoewel dat niet in een andere risicofactorstudie werd gevonden, werd in deze studie wel een lagere seroprevalentie gevonden onder mensen met een vegetarische levensstijl.[6] Onderzoeken in Duitsland naar risicofactoren voor een acute HEV-infectie (in plaats van seropositiviteit), toonden sterke relaties aan met consumptie van droge worst[11], onvoldoende verhitte varkenslever, wild, leverworst, maar ook rauwe groenten en contact met afvalwater.[12] HEV-RNA is in 14,6% van rauwe varkensworsten uit Nederlandse winkels gevonden, in met name metworst, salami en snijworst.[13] Uit een risicoanalyse over HEV in vleesproducten kwam naar voren dat leverresten aan het diafragma van varkens mogelijk de bron zijn van HEV-contaminatie en als respons daarop wordt diafragma sinds midden 2017 niet meer verwerkt in niet-verhitte varkensproducten.[14] Tussen 2017 en 2019 werd desondanks geen daling gevonden in de proportie HEV-positieve varkensproducten, maar wel in de mate van virale contaminatie per product.[13]

Preventie en bestrijding
Om het risico op HEV-infectie voor mensen te verlagen, dient te worden onderzocht hoe de verspreiding van HEV tussen varkens plaatsvindt en hoe de verspreiding kan worden verminderd.[15] Daarom wordt momenteel onderzoek gedaan naar risicofactoren voor een hoge HEV-prevalentie op varkensbedrijven en de transmissie binnen bedrijven.[16] In een ander onderzoeksproject wordt gewerkt aan een detectiemethode om infectieus HEV aan te kunnen tonen en aan moleculaire analyses om vast te stellen welke varianten van HEV die voorkomen bij varkens de meeste ziekte kunnen veroorzaken bij mensen.[17] De resultaten van deze projecten worden verwacht in 2022. Om de epidemiologie van HEV in een *One Health context* beter te begrijpen, is in 2017 HEVnet (*https://www.rivm.nl/en/hevnet*) opgericht als netwerk en database voor het delen van sequenties en het verzamelen van bijbehorende metadata van mens, dier, voedsel en milieubronnen.

4.2.2 Tekenencefalitis

Tekenencefalitis is een hersen(vlies)ontsteking die veroorzaakt wordt door het tekenencefalitisvirus (TBEV). Het virus kan overgedragen worden door de schapenteek (*Ixodes ricinus*). Sinds 2016 is het bekend dat er in bepaalde gebieden van Nederland teken besmet kunnen zijn met TBEV. Tussen 2016 en 2020 zijn er twaalf patiënten bekend die in Nederland tekenencefalitis hebben opgelopen.[18]

Verschijnselen
De meeste mensen die besmet zijn met het virus worden niet ziek of ontwikkelen milde klachten. Bij mensen die wel ziek worden, kan de ziekte in twee fasen verlopen. In de eerste fase kunnen mensen griepverschijnselen, koorts en hoofdpijn ontwikkelen. Deze verschijnselen duren ongeveer vijf tot tien dagen. Een aantal dagen na de eerste fase kan er een tweede fase ontstaan met hoge koorts, hoofdpijn, verlammingsverschijnselen, ontsteking van de hersenen en hersenvlies. In uitzonderlijke gevallen kunnen mensen aan de ziekte overlijden.

Verspreiding
Kleine knaagdieren zijn de belangrijkste gastheren voor TBEV. Soms worden ook grote zoogdieren besmet. Besmette koeien, geiten en schapen kunnen het virus uitscheiden via de melk. Het is beschreven dat mensen besmet kunnen worden door het drinken van ongepasteuriseerde melk of het eten van rauwe kaas, maar besmetting via tekenbeten is voor mensen veruit de belangrijkste infectieroute. De kans op een infectie na een tekenbeet is in Nederland echter zeer klein, omdat slechts heel weinig teken besmet zijn met het TBE-virus.

In Europa komt TBE voor in 27 landen.[19] Het virus beperkt zich meestal tot bepaalde regio's waar het circuleert tussen teken en kleine knaagdieren. In de afgelopen twintig jaar zijn er in Europa regelmatig nieuwe endemische gebieden bijgekomen. Factoren die verantwoordelijk zijn voor de toename van de incidentie, prevalentie en verspreiding van TBE zijn waarschijnlijk verandering van vrijetijdsactiviteiten, verplaatsing van mensen naar voorsteden, urbanisatie in TBE-risicogebieden en opwarming van de aarde.[19]

Het RIVM houdt bij hoeveel patiënten ernstig ziek worden door in Nederland opgelopen TBE. Daarnaast onderzoekt het RIVM in samenwerking met *DWHC*, *WUR* en *Artemis* de verspreiding van het TBE-virus in wilde dieren en teken.

In 2020 zijn er vijf patiënten ziek geworden door TBEV in Nederland. De meest waarschijnlijke plaatsen van besmetting zijn: de Sallandse Heuvelrug, de Utrechtse Heuvelrug, centraal Noord-Brabant, het noordoosten van de Flevopolder, Twente en de Achterhoek (zie afbeelding 4.2.1). TBEV is aan de Duitse grens in de Achterhoek en ten oosten van Nijmegen aangetroffen in kleine knaagdieren. Uit antistoffenonderzoek bij reeën is naar voren gekomen dat er reeën in Noord-Brabant, Limburg, Overijssel en de Achterhoek gebeten zijn door teken met het TBE-virus.

Preventie en bestrijding
Er is een vaccin dat voor 95% bescherming geeft. Mensen die lange tijd verblijven in gebieden waar tekenencefalitis veel voorkomt, kunnen zich laten vaccineren. Vooralsnog is er geen reden om in Nederland te vaccineren.

Na een tekenbeet wordt geadviseerd de teek zo snel mogelijk te verwijderen. Hoewel het virus via het speeksel van de teek al snel na vasthechting overgedragen kan worden, verkleint het de kans op infectie. Ook verkleint snelle verwijdering van de teek de kans op infectie met andere teek-overdraagbare ziekten, zoals de ziekte van Lyme.

De kans om gebeten te worden door teken kan beperkt worden door tijdens het wandelen op de gebaande paden te blijven en contact met hoog gras en struikgewas te voorkomen. Verder kunnen bedekkende kleding zoals het dragen van dichte schoenen en een lange broek (waarbij de broekspijpen eventueel in de sokken gestopt worden) de kans op tekenbeten verminderen. Onbedekte huid kan ingesmeerd worden met een middel dat DEET (diethyltoluamide) bevat.

Afbeelding 4.2.1 Deze kaart toont het voorkomen van het TBE-virus in Nederland (Bron: RIVM, *DWHC*, *WUR* en *Artemis* en *NorthTick*, augustus 2021).

4.2.3 *Brucella* canis in Nederland

Brucella canis (*B. canis*) is een kleine, staafvormige bacterie die honden maar ook mensen kan infecteren. Brucellose is in Nederland voor de eerste keer in 2016 vastgesteld in een geïmporteerde hond en in 2021 voor de eerste keer bij een mens gediagnostiseerd.

Verschijnselen

Na de infectie nestelt de bacterie zich in organen zoals de geslachtsorganen, de wervelkolom en de lymfeknopen. Vaak voorkomende problemen bij adoptiehonden zijn heel forse rug- en/of nekklachten door een discospondylitis, die niet herstelt met de gebruikelijke therapie. Bij fokdieren worden ook bijbalontsteking, abortus en zwakke nesten gezien.

Verspreiding

B. canis wordt uitgescheiden via de urine, speeksel, ontlasting, neus- en oog- en vaginale uitvloeiing. Als een hond wordt verdacht van deze infectie dient dit volgens de Wet Dieren gemeld te worden bij de NVWA. Onder de regie van het NVIC wordt er aanvullend onderzoek gedaan en de GGD ingelicht. Mocht de verdenking worden bevestigd, dan worden ook contacthonden, zoals huisgenoten of honden die regelmatig intensief contact hebben, getest. De adoptiehonden zijn meestal gecastreerd bij het arriveren in Nederland, waardoor het verspreidingsrisico als minimaal is gesteld. Tot nu toe zijn er geen besmettingen bij deze contacthonden gevonden.

Sinds 2020 is *B. canis* ook vastgesteld bij honden die verkregen zijn met de intentie om ermee te gaan fokken. Dit geeft een heel andere problematiek. Bij de eerste fokker is het probleem gestart bij een reu die, voordat hij gebruikt is als dekreu, rugklachten ontwikkelde. De setting van deze fokkerij, onder andere het delen van buitenverblijven, heeft het mogelijk gemaakt dat de besmetting door alle groepen had plaatsgevonden. Deze besmetting was dusdanig dat de fokker heeft gekozen voor euthanasie van alle aanwezige honden. Er is een *stand still* van zes maanden opgelegd. Na deze periode wordt besmetting door materiaal en grond door deskundigen als verwaarloosbaar beschouwd.

Bij een andere fokker is het probleem gestart met abortus bij een teef, welke was aangekocht voor de fok in Nederland. Deze hond bleek door een eerdere eigenaar geïmporteerd te zijn uit Rusland. Op deze fokkerij werkt men met het houden van gemengde familiegroepen van zes tot acht honden. Dit heeft ervoor gezorgd dat deze groep geïnfecteerd is. Ook is een besmette reu ingezet in andere groepen, waardoor er verspreiding heeft plaatsgevonden.

Gezien het feit dat *B. canis* een lange incubatietijd kent en een chronische ziekte veroorzaakt, kan het meer verspreid zijn dan het op het eerste gezicht lijkt. Ook is het niet eenvoudig om te diagnosticeren. De combinatie van serologie en kweek van bloed en urine geeft de meest zekere uitslag, maar deze testen duren lang en moeten herhaald worden.

Adoptiehonden

Sinds de start van de SARS-CoV-2-pandemie is er sterk verhoogde vraag naar honden en ook zijn er bepaalde typen honden in de mode gekomen, waardoor mensen snel overgaan tot en misschien ook minder selectief zijn in aanschaf van honden. Het risico van introductie van ziekten als honden-brucellose maar ook van minder goed sociaal aangepaste honden lijkt hiervan een gevolg te zijn.

4.2.4 Vogelgriep in Nederland

Aviaire influenza- ofwel vogelgriepvirussen komen van nature voor in wilde watervogels. Er zijn vele verschillende subtypen vogelgriepvirussen en hoog- en laag-pathogene varianten. Hoog-pathogene vogelgriepvirussen veroorzaken ernstige ziekte en sterfte in kippen en zijn altijd virussen van subtype H5 of H7. Op locaties waar veel watervogels bij elkaar komen, kunnen de verschillende subtypen virussen tussen vogels worden uitgewisseld. Dit gebeurt met name in de verschillende broed- en ruigebieden voor vogels. Veel van de watervogels die in Nederland overwinteren, komen uit broedgebieden in Siberië,

Kazachstan en Rusland. Deze wintergasten kunnen vogelgriepvirus meebrengen. Pluimveebedrijven met een uitloop hebben daarom een hoger risico op introductie van vogelgriep.

Vogelgriep bij mensen
Sommige varianten van de vogelgriep zijn overdraagbaar op mensen en kunnen bij de mens ziekteverschijnselen veroorzaken. Dit betreft bepaalde subtypen, en met name hoog-pathogene virussen. Wanneer een virus zich zodanig zou aanpassen dat het zich gemakkelijk onder mensen kan verspreiden, dan zou dit kunnen leiden tot een wereldwijde griepepidemie, een zogenoemde pandemie.

Mutatie van het vogelgriepvirus
Laag-pathogene vogelgriepvirussen van subtype H5 en H7 kunnen zich ontwikkelen tot hoog-pathogene varianten door mutatie in pluimvee. Dit is in Nederland sinds 2003 niet meer voorgekomen. Alle uitbraken van hoog-pathogene vogelgriep in pluimvee tussen 2014 en 2021 werden veroorzaakt door introducties vanuit wilde vogels. Vanwege het risico op mutatie worden sinds 2003 alle pluimveebedrijven in Nederland gemonitord en minimaal eenmaal per jaar getest op aanwezigheid van het vogelgriepvirus. Daarnaast is er een surveillancesysteem waarin pluimveebedrijven toenemende sterfte (mogelijke infectie) moeten melden. Ten slotte gelden de voorgeschreven EU-bestrijdingsmaatregelen, waardoor op bedrijven met een hoog-pathogene vogelgriepinfectie alle pluimvee wordt geruimd.

Wanneer een vogelgriepvirus een mens infecteert, dan zou het virus zich vervolgens verder kunnen aanpassen waardoor het zich zou kunnen gaan verspreiden tussen mensen. Ook zouden door uitwisseling van genetisch materiaal tussen vogelgriep en bijvoorbeeld de seizoensgriep bij mensen, nieuwe virussen kunnen ontstaan met veranderde eigenschappen. Het is daarom van belang om infectie van mensen te voorkomen. Door het uitgebreide *biosecurity*-management, de intensive surveillance en de door de EU voorgeschreven bestrijdingsmaatregelen zal het risico op ontstaan van zoönotische vogelgriepvirussen in de pluimveehouderij laag zijn.

Preventie en bestrijding
Hoog-pathogene vogelgriepvirussen ontwikkelen zich met name in pluimvee in landen in Azië, waar de biosecurity en surveillance op een laag niveau liggen, en vele subtypen vogelgriepvirussen aanwezig zijn in de wilde en gehouden vogelpopulaties. Wilde trekvogels kunnen deze virussen vervolgens in Nederland introduceren. Sinds enige jaren wordt daarom binnen de EU systematisch naar de aanwezigheid van vogelgriepvirus in wilde vogels gekeken. Dit wordt onderverdeeld in actieve monitoring (levende wilde vogels) en passieve monitoring (dode wilde vogels). Via het dode-wilde-vogelmonitoringprogramma werd in 2020 het vogelgriepvirus aangetoond in Nederland, waarop direct maatregelen werden genomen voor de pluimveehouderij (ophokplicht). Het risico dat een zoönotisch vogelgriepvirus geïntroduceerd wordt in de pluimveehouderij is aanwezig wanneer het virus in wilde vogels circuleert. Binnen de EU wordt door de *European Food and Safety Authority* (EFSA) regelmatig een beoordeling gemaakt van het risico op overdracht van op dat moment circulerende virussen naar de mens. Intensivering van de *biosecurity* en extra maatregelen, zoals het ophokken van pluimvee met vrije uitloop, of het vaccineren van pluimvee, zal het risico op infectie van pluimvee kunnen verminderen.

4.2.5 De vossenlintworm

Echinococcus multilocularis is een klein lintwormpje, voorkomend in de darm van vossen en mogelijk andere hondachtigen. Het is de oorzaak van alveolaire echinokokkose, een ernstige ziekte die zich manifesteert als maligniteit en die zonder behandeling dodelijk kan zijn. De sterke toename van vossenpopulaties in Europa, mede door een heel effectieve vaccinatiecampagne tegen rabiës, heeft gezorgd dat deze parasiet zowel in prevalentie als introductie naar nieuwe geografische gebieden vanuit het centrale endemische gebied Zwitserland, Oostenrijk en Oost-Frankrijk zich in Europa heeft kunnen verspreiden. Eitjes van deze parasiet komen met de ontlasting van vossen in het milieu. Orale opname van deze eitjes door de mens door contact met besmette vossen, bosvruchten of paddenstoelen kunnen leiden tot een infectie in de lever met uitgroei in aanliggende weefsels en organen. Het duurt wel vijf tot vijftien jaar voordat dit leidt tot klinische klachten, waarbij in dat stadium de lever al zo ernstig kan zijn aangetast, dat het zonder behandeling kan leiden tot de dood. Behandeling bestaat uit levenslang gift van medicatie zoals Albendazol, wat dit maakt tot een van de ernstigste parasitaire zoönosen met een hoge ziektelast.

Verspreiding
In Nederland wordt sinds 1998 onderzoek gedaan naar het voorkomen en de verspreiding van deze parasiet bij vossen en sindsdien wordt naast het voorkomen met stabiele prevalentie in Oost-Groningen, een sterk toename van de prevalentie tot bijna 60% gezien in het oostelijk deel van Zuid-Limburg.[20] De eerste patiënt met alveolaire echinokokkose viel samen met een voorspelling van de eerste autochtone casus in 2008 in Zuid-Limburg[21] en sindsdien worden er meer

patiënten gezien. Uit modelberekeningen blijkt dat er een exponentiële toename is te verwachten van het aantal patiënten tot circa dertig in 2030 met een Ro tussen de 1 en 4 van de verspreiding van de parasiet in de vossenpopulatie.[22]

Preventie en bestrijding
Controlemaatregelen in vossen zijn alleen mogelijk door het geven van praziquantel in een bait, omdat er geen vaccin bestaat tegen deze parasiet. De kosten van deze strategie zijn hoog, en worden wel toegepast in stedelijke gebieden waar besmette vossen komen en zo een lokale cyclus kunnen bewerkstelligen, waarbij dan ook huishonden besmet kunnen raken. Ontworming van honden in endemische gebieden en publieksvoorlichting zijn momenteel maatregelen die meestal geadviseerd worden voor endemische gebieden in Europa. Door de lange incubatietijd, zeldzaam voorkomen van sporadische gevallen en gebrekkige registratie van casussen, is voor deze ernstige parasitaire zoönose weinig aandacht. Aanbevelingen voor verbetering van de diagnostiek, registratie en controle van deze ernstige parasitaire zoönose is daarom recent voorgesteld in een studie waarin de surveillance van vijf hoogst geprioriteerde voedsel-overdraagbare parasitaire zoönosen bij mens en dier zijn geanalyseerd.[23]

4.3 Drijvende krachten die kunnen leiden tot emerging zoonoses

De omstandigheden waarin emerging zoonoses kunnen ontstaan/uitbreken zijn heel complex. Belangrijke drijvende krachten voor het ontstaan van emerging zoonoses zijn de omgang tussen mens en dier, verandering in landgebruik en Klimaatverandering en variabiliteit in het weer (zie afbeelding 4.3.1).

Afbeelding 4.3.1 Drijvende krachten achter het ontstaan van zoönosen.[1]

4.3.1 Omgang tussen mens en dier

4.3.1.1 Dierenmarkten

In Azië, Afrika en Zuid-Amerika zijn er veel dierenmarkten waar levende dieren worden verhandeld en geslacht. Op dit soort markten worden verschillende soorten zoogdieren, vissen, schaaldieren, pluimvee en andere verse producten zoals groenten verkocht. Ook zijn er markten waar wilde dieren, zoals reptielen, stekelvarkens en andere soorten worden verhandeld. Deze wilde dieren worden opgegeten of ze worden gebruikt als ingrediënt voor traditionele medicijnen. Voor een groot deel van de bevolking in Azië zijn dit soort dierenmarkten de primaire bron van vers voedsel.

Deze dierenmarkten worden vaak in verband gebracht met emerging zoonoses, zoals de uitbraak van het SARS-virus (2002-2003) en vogelgriep. Ook de Covid-19-pandemie wordt vaak in verband gebracht met een dierenmarkt in Wuhan (China). De dieren van dit soort dierenmarkten worden in overvolle omstandigheden gehouden en de hygiëne is vaak slecht. De omstandigheden kunnen bij de dieren ernstige stress veroorzaken, waardoor de weerstand vermindert en er meer ziekteverwekkers kunnen worden uitgescheiden. Deze onhygiënische markten kunnen de bron van verspreiding van emerging zoonoses zijn.

4.3.1.2 Bushmeat

Bushmeat is vlees van onconventionele diersoorten, zoals slangen, vleermuizen, apen en schildpadden. Vooral in tropische gebieden waar veeteelt slecht ontwikkeld is, wordt *bushmeat* gegeten en verhandeld. Zowel de jacht als de consumptie van (onvoldoende thermisch behandelde) *bushmeat* kunnen leiden tot overdracht van infectieziekten. Een voorbeeld van een zoönose die in verband wordt gebracht met *bushmeat* is het ebolavirus. Het ebolavirus, dat in 1976 in de Democratische Republiek Congo opkwam, wordt toegeschreven aan toegenomen contact tussen mensen en primaten, doordat mensen vaker in voorheen ongerepte natuurgebieden gingen jagen op wilde dieren.[1]

4.3.2 Verandering in landgebruik

Ontbossing

Om meer ruimte te maken voor landbouwgrond worden grote bossen gekapt. De afbraak van het leefgebied van wilde dieren kan ertoe leiden dat wilde dieren op zoek zullen gaan naar een nieuwe habitat. Dit kan ertoe leiden dat de wilde dieren zich vaker gaan vestigen in de buurt van de mens en van vee. Hierdoor kan er meer contact plaatsvinden tussen wilde dieren en mensen en met vee, waarbij zoönosen verspreid kunnen worden. Deze problematiek speelt vooral in landen waar nog relatief veel ongerepte natuur bestaat, met nog onbekende ziektekiemen.[1]

4.3.3 Klimaatverandering en variabiliteit in het weer

Klimaatverandering heeft veel gevolgen voor milieu, planten en dieren. Verschillende klimaatfactoren zoals bijvoorbeeld de opwarming van de aarde, en verandering in regenval kunnen ertoe bijdragen dat ziektekiemen (gemakkelijker) worden overgedragen en dat bepaalde diersoorten meer of minder voorkomen in een gebied. Hierdoor zou de infectiedruk van sommige ziekten zoals bijvoorbeeld de ziekte van Lyme en westnijlkoorts kunnen toenemen. In Nederland zijn effecten van klimaatverandering vooral te verwachten voor zoönosen die worden overgedragen door vectoren. Het is echter lastig te voorspellen wat de effecten zijn van klimaatverandering op de complexe wisselwerking tussen dierlijke gastheren, ziekteverwekkers, vectoren en mensen. Soms kan klimaatverandering ook tot een kleinere kans op zoönosen leiden.[1]

4.4 Geraadpleegde literatuur

1. Bekedam, H., et al., *Zoönosen in het vizier*, 2021
2. Waqar, S., et al., *Hepatitis E, in StatPearls*, 2021. StatPearls Publishing LLC: Treasure Island (FL).
3. Hogema, B.M., et al., *Comparison of Hepatitis E Virus Sequences from Humans and Swine, the Netherlands*, 1998-2015. Viruses, 2021. 13(7).
4. Narayanan, S., et al., *Clinical features and determinants of chronicity in hepatitis E virus infection. J Viral Hepat*, 2019. 26(4): p. 414-421.
5. Kamar, N., et al., *Extrahepatic manifestations of hepatitis E virus. Liver Int*, 2016. 36(4): p. 467-72.
6. Alberts, C.J., et al., *Hepatitis E virus seroprevalence and determinants in various study populations in the Netherlands. PLoS One*, 2018. 13(12): p. e0208522.
7. Hogema, B.M., et al., *Incidence and duration of hepatitis E virus infection in Dutch blood donors. Transfusion*, 2016. 56(3): p. 722-8.
8. Dalton, H.R. and J. Izopet, *Transmission and Epidemiology of Hepatitis E Virus Genotype 3 and 4 Infections. Cold Spring Harb Perspect Med*, 2018. 8(11).
9. Hakze-van der Honing, R.W., et al., *First isolation of hepatitis E virus genotype 4 in Europe through swine surveillance in the Netherlands and Belgium. PLoS One*, 2011. 6(8): p. e22673.
10. Mooij, S.H., et al., *Risk factors for hepatitis E virus seropositivity in Dutch blood donors. BMC Infect Dis*, 2018. 18(1): p. 173.

11. Hriskova, K., et al., *Epidemiology of Hepatitis E in 2017 in Bavaria, Germany. Food Environ Virol*, 2021.
12. Faber, M., et al., *Case-control study on risk factors for acute hepatitis E in Germany, 2012 to 2014. Euro Surveill*, 2018. 23(19).
13. Boxman, I.L.A., et al., *Monitoring of pork liver and meat products on the Dutch market for the presence of HEV RNA. Int J Food Microbiol*, 2019. 296: p. 58-64.
14. Bouwknegt, M., et al., *Ordinal QMRA to Prioritize Pork Products that May Contribute to Foodborne Hepatitis E Virus Transmission, in Society for Risk Analysis Annual Meeting*. 2017: SRA, Arlington (VA), USA.
15. Meester, M., et al., *Infection dynamics and persistence of hepatitis E virus on pig farms - a review. Porcine Health Manag*, 2021. 7(1): p. 16.
16. Van der Poel, W.H.M., et al., *AF-18119 | 1H4F HEVentie: Hepatitis E virus intervention in primary pig production*. 2019, Topsector Agri&Food.
17. Hakze-van der Honing., et al., *TRACE, Tracking the public health hazard of foodborne Hepatitis E. EJP One Health*. 2019, EU Horizon 2020.
18. *https://www.rivm.nl/tekenencefalitis*.
19. *https://lci.rivm.nl/richtlijnen/tekenencefalitis#epidemiologie*.
20. Maas, M., et al., *First findings of Trichinella spiralis and DNA of Echinococcus multilocularis in wild raccoon dogs in the Netherlands. International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife*, 2016, 277-279.
21. van Dommelen, L., et al., *The first locally acquired human infection of Echinococcus multilocularis in the Netherlands. Journal of clinical microbiology* 2012. 50.2: 1818-1820.
22. Takumi, K., et al., *Evidence for an increasing presence of Echinococcus multilocularis in foxes in The Netherlands. International journal for parasitology*, 2008, 38.5: 571-578.
23. van der Giessen, J., et al.. *Surveillance of foodborne parasitic diseases in Europe in a One Health approach. Parasite epidemiology and control* 2021. 13: e00205.

5 Gebruikte afkortingen

AMC	Academisch Medisch Centrum, *https://www.amc.nl/web/Research.htm*
AUMC	Amsterdam Universiteit Medisch Centrum
AVG	Algemene Verordening Gegevensbescherming
Awb	Alegemene wet bestuursrecht
BARF	Bones and Raw Food
BoNT	Botulinum neurotoxines
BSE	Bovine spongiforme encefalopathie
CAP	Community acquired pneumonia
CBS	Centraal Bureau voor de Statistiek, *http://www.cbs.nl*
cfu	zie kve
COI	Cost of Illness, zie voor verdere uitleg, *https://www.volksgezondheidenzorg.info/cost-of-illness*
COKZ	Centraal Orgaan voor Kwaliteitsaangelegenheden
DALY	Disability Adjusted Life Years zie voor verdere uitleg, *https://www.volksgezond-heidenzorg.info/definitie-en-methode-ziektelastberekening*
DWHC	Dutch Wildlife Health Centre, *http://www.dwhc.nl*
EBLV	European Bat Lysavirus
ECDC	European Centre for Disease Prevention and Control, *http://ecdc.europa.eu/en/Pages/home.aspx*
EFSA	European Food Safety Authority, *http://www.efsa.europa.eu*
ELISA	Enzyme Linked Immuno Sorbent Assay, test voor aantonen antilichamen (serologie) of antigeen
EMR	Euregio Maas-Rijn
EPiS	Epidemic Intelligence information System, besloten informatiesysteem van ECDC, *https://epis.ecdc.europa.eu/*
Erasmus MC	Erasmus Medisch Centrum Rotterdam, *http://www.erasmusmc.nl/*
ESBL	Extended Spectrum Bèta Lactamase, bepaalde vorm van antibioticum resistentie
EU	Europese Unie, *https://europa.eu/european-union/index_nl*
ADNS	Animal Disease Notification System

FAO	Food and Agriculture Organisation
FD	Faculteit Diergeneeskunde, Utrecht, *http://www.uu.nl/organisatie/faculteit-diergeneeskunde*
GCP	Grenscontrolepost
GD	Gezondheidsdienst voor Dieren in Deventer, *http://www.gddiergezondheid.nl*
GGD	Gemeentelijke Gezondheidsdienst, *http://www.ggd.nl/*
GHSA	De Global Health Security Agenda
Gwwd	Gezondheids- en Welzijns Wet voor Dieren, *http://wetten.overheid.nl/BWBR0005662/2015-01-01*
HEV	Hepatitis E Virus
HKRS	Hemorragische koorts met renaal syndroom
HPAI	Hoog Pathogene Aviaire Influenza
HUS	Hemolytisch Uremisch Syndroom
ICTV	International Committee on Taxonomy of Viruses
IFA/IFT	Immuno Fluorescence Assay/Test, test om antilichamen (IFA/IFT) of antigenen (directe IFA/IFT) aan te tonen
IGZ	Inspectie voor de gezondheidszorg
IGJ	Inspectie voor de Gezondheidszorg en Jeugd, *https://www.igj.nl/*
IRAS	Institute for Risk Assessment Sciences, onderdeel van FD en fac. Geneeskunde, *https://www.uu.nl/organisatie/faculteit-diergeneeskunde/over-de-faculteit/departementen/iras*
ISIS	Infectieziekte Surveillance Informatie Systeem van RIVM
KI	Kunstmatige Inseminatie
kve	kolonie vormende eenheden; kiemgetal; Engels: colony forming units (cfu). Maat voor het aantal levende micro-organismen per milliliter of per gram, *http://www.microbiologie.info/kiemgetal.html*
KVV	Kant-en-klaar Vers Vlees
LNV	Ministerie van Landbouw, Natuur en Voedselkwaliteit, *https://www.rijksoverheid.nl/ministeries/ministerie-van-landbouw-natuur-en-voedselkwaliteit*
LPAI	Laag Pathogene Aviaire Influenza
LPS	Lipopolysacharide
LUMC	Leids Universitair Medisch Centrum, *https://www.lumc.nl/*
MARAN	Monitoring of Antimicrobial Resistance and Antibiotic usage in Animals in the Netherlands, *https://www.wur.nl/nl/Onderzoek-Resultaten/Onderzoeksinstituten/Bioveterinary-Research/Uitgelicht/Antibiotica-resistentie/MARAN-rapporten.htm*
MAT	Microscopische Agglutinatie Test, een test voor het aantonen van antilichamen
MERS-CoV	Middle East Respiratory Syndrome-related coronavirus
MLVA	Multiple Locus Variable number tandem repeat Analysis, zie voor verdere uitleg, *http://www.mlva.net/*
MML	Medisch Microbiologisch Laboratorium, *http://www.geldersevallei.nl/afdelingen/64/medisch-microbiologisch-laboratorium*
MRSA	Meticilline-resistente Staphylococcus aurreus
NCvB	Nederlands Centrum voor Beroepsziekten, *http://www.beroepsziekten.nl/ncvb*
NEPLUVI	Nederlandse vereniging Pluimvee-verwerkende Industrie, *http://www.nepluvi.nl/*
NRL	Nationaal Referentie Laboratorium Leptospirose, onderdeel van AMC/KIT, *https://www.kit.nl/biomedical-research/leptospirosis-reference-centre/*
NRL-P	Nationaal Referentie Laboratorium Parasieten, onderdeel van het RIVM
NVWA	Nederlandse Voedsel en Waren Autoriteit, *https://www.nvwa.nl/*
OHEJP	One Health European Joint Programme
OIE	World Organisation for Animal Health, voorheen Office International des Epizooties, *http://www.oie.int/*
Osiris	Online Systeem voor Infectieziekten Registratie binnen ISIS, *http://www.rivm.nl/Onderwerpen/S/Surveillance_van_infectieziekten/Meldingsplichtige_infectieziekten*
PCR	Polymerase Chain Reaction, test voor het aantonen van genetisch materiaal, *http://www.microbiologie.info/pcr.html*
PEP	Post-expositieprofylaxe
PHC	Proces hygiënecriterium
PrEP	Pre-expositieprofylaxe
PUUV	Puumula-virus
PVE	Productschappen Vee, Vlees en Eieren. *Per 1 januari 2015 opgeheven, http://www.pve.nl/*

Radboudumc	Radboud Universitair Medisch Centrum Nijmegen, *https://www.radboudumc.nl*
RIVM	Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu, *http://www.rivm.nl/*
RIVM-CIb	Centrum Infectieziekten bestrijding, onderdeel van RIVM, *http://www.rivm.nl/RIVM/Organisatie/Centra/Centrum_Infectieziektebestrijding*
SARS	Severe Acute Respiratory Syndrome
SNP	Single-nucleotide polymorphism
TBE	Tekenencefalitis
TBEV	Tekenencefalitisvirus
TSE	Transmissible spongiform encephalopathies
TRL	Tuberculose Referentie Laboratorium, onderdeel van het RIVM
SEOV	Seoul virus
TULV	Tula virus
UBN	Uniek Bedrijfsnummer, *http://www.rvo.nl/onderwerpen/agrarisch-ondernemen/dieren-houden/dieren-registreren*
UMC Utrecht	Universitair Medisch Centrum Utrecht, *https://www.umcutrecht.nl/nl/*
vCJD	Variant Creutzfeldt-Jacob Disease
VGO	Veehouderij en Gezondheid Omwonenden
VMDC	Veterinair Microbiologisch Diagnostisch Centrum, onderdeel van FD, *http://www.uu.nl/onderzoek/veterinair-microbiologisch-diagnostisch-centrum*
VO (EG)	Verordening(en) van de Europese Gemeenschap, bevatten regels die direct gelden in alle lidstaten van de Europese Unie
VPDC	Veterinair Pathologisch Diagnostisch Centrum, onderdeel van FD, *https://www.uu.nl/onderzoek/veterinair-pathologisch-diagnostisch-centrum*
VWS	Ministerie van Volksgezondheid, Welzijn en Sport, *https://www.rijksoverheid.nl/ministeries/ministerie-van-volksgezondheid-welzijn-en-sport*
WAHIS	World Animal Health Information System, besloten informatie systeem van OIE, *http://www.oie.int/wahis_2/public/index.php/home*
WBVR	Wageningen Bioveterinary Research (voorheen CVI), *http://www.wur.nl/nl/Expertises-Dienstverlening/Onderzoeksinstituten/Bioveterinary-Research.htm*
WBVR-NRL	Nationaal Referentie Laboratorium voor dierziekten, onderdeel van WBVR, *http://www.wur.nl/nl/Expertises-Dienstverlening/Onderzoeksinstituten/Bioveterinary-Research/diagnostiek.htm*
WFSR	Wageningen Food Safety Research
WGS	Whole Genome Sequencing. Voor meer informatie, zie *https://www.ntvg.nl/artikelen/%E2%80%98whole-genome-sequencing%E2%80%99/volledig*
WHO	World Health Organisation, *http://www.who.int/en/*
Wpg	Wet publieke gezondheid, *http://wetten.overheid.nl/BWBR0024705/2016-08-01*
YOPIs	Young, Old, Pregnant, Immune incompetent. Nederlands: Jong, Oud, Zwanger, Immuundeficiënt (JOZIs). Dit zijn kwetsbare personen, die eerder een infectie oplopen en wie bij de gevolgen vaak ernstiger zijn
ZonMW	Nederlandse organisatie voor gezondheidsonderzoek en zorginnovatie, *http://www.zonmw.nl/nl/*
ZuyderlandMC	Zuyderland Medisch centrum

RIVM Rapport 2021-0190

Dit is een uitgave van:

Nederlandse Voedsel- en Warenautoriteit
Ministerie van Landbouw, Natuur en Voedselkwaliteit

Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu
Ministerie van Volksgezondheid, Welzijn en Sport

Postbus 1 | 3720 BA Bilthoven
www.rivm.nl

November 2021

De zorg voor morgen begint vandaag

013290