



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

Staat van infectieziekten *in Nederland* 2019



Staat van infectieziekten in Nederland, 2019

G. Lagerweij,
B. Schimmer,
S. Mooij,
S. Raven,
A. Schoffelen,
B. de Gier,
S. Hahné

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.

RIVM-Rapport 2020-0048

DOI 10.21945/RIVM-2020-0048

G. Lagerweij,
B. Schimmer,
S. Mooij,
S. Raven,
A. Schoffelen,
B. de Gier,
S. Hahné

Contact:

Giske Lagerweij
Signalering en Surveillance
Epidemiologie en Surveillance van Infectieziekten
giske.lagerweij@rivm.nl

Dit rapport is geschreven door het Centrum Epidemiologie en Surveillance van Infectieziekten, Centrum Infectieziektebestrijding, RIVM, in opdracht van het Ministerie voor Volksgezondheid, Welzijn en Sport.

Publieks- samenvatting

Staat van Infectieziekten in Nederland, 2019

Het RIVM geeft elk jaar in de Staat van Infectieziekten een overzicht van de belangrijkste ontwikkelingen van infectieziekten in Nederland en, als het voor Nederland relevant is, in het buitenland. Deze jaarlijkse rapportage geeft beleidsmakers bij onder andere het ministerie van VWS en GGD'en inzicht in de ontwikkelingen.

Eind 2018 is een vaccinatiecampagne begonnen tegen meningokokken voor tieners. In 2019 hebben minder mensen een ernstige infectie met meningokokken W gekregen dan het jaar ervoor (van 103 in 2018, naar 62 in 2019).

Tussen eind november 2019 en eind januari 2020 hebben 66 mensen papegaaienziekte (psittacose) gehad. Dat aantal is veel hoger dan de gemiddeld 10 tot 20 zieken per jaar in de vijf jaar daarvoor. Alle gemelde patiënten zijn opgenomen in het ziekenhuis, van wie er een is overleden.

In 2019 zijn twee Nederlandse tropenartsen in Sierra Leone geïnfecteerd met Lassavirus. Beide patiënten zijn naar Nederland gebracht, waarna een van hen overleed.

De Staat van Infectieziekten geeft ook aan hoeveel 'gezonde levensjaren' verloren zijn gegaan door infectieziekten, uitgedrukt in disability-adjusted life years (DALY's). Dit wordt ook wel de 'ziektelast' genoemd. De infectieziekten waaraan in 2019 in Nederland de meeste gezonde levensjaren verloren gingen, zijn ernstige pneumokokkenziekte (9.500 DALYs), griep (8.100 DALYs), en legionella (8.100 DALYs). Deze top-3 is al enkele jaren hetzelfde.

Het RIVM geeft ook alvast een eerste schatting van de ziektelast door COVID-19 in Nederland in 2020, gezien de grote impact van deze ziekte in Nederland en wereldwijd. De ziektelast in de eerste golf in 2020 (tot 1 juli) is geschat op, afgerond, 58.500 DALY's. De meeste gezonde levensjaren zijn verloren gegaan door mensen die vroegtijdig zijn overleden aan COVID-19. Deze ziektelast is gebaseerd op het aantal patiënten van wie via laboratoriumonderzoek is aangetoond dat ze COVID-19 hebben. De werkelijke ziektelast is hoger, omdat lang niet iedereen met klachten op het virus is getest.

Kernwoorden: Staat van infectieziekten, infectieziekten, surveillance, meldingsplichtige infectieziekten, ziektelast

Synopsis

State of Infectious Diseases in the Netherlands, 2019

In the State of Infectious Diseases in the Netherlands, RIVM provides an annual overview of the most important developments in relation to infectious diseases in the Netherlands and, insofar as relevant for the Netherlands, in other countries. This annual report provides policy-makers, including those at the Dutch Ministry of Health, Welfare and Sport and the municipal health services, with insight into the relevant developments.

At the end of 2018, a vaccination campaign was started against meningococcus under teenagers. Fewer persons became infected with meningococcus W in 2019 than the previous year (decrease from 103 in 2018 to 62 in 2019).

Between the end of November 2019 and the end of January 2020, 66 persons were reported with psittacosis. That number is higher than the average of 10 to 20 patients per year in the five previous years. All reported patients were admitted to the hospital, and one patient died.

In 2019, two Dutch doctors in tropical medicine became infected with the Lassa fever virus in Sierra Leone. Both patients were transported to the Netherlands, after which one of them died.

The State of Infectious Diseases lists how many 'healthy life years' were lost due to infectious diseases, expressed in disability-adjusted life years (DALYs). This is also referred to as the 'burden of disease'. The infectious diseases that resulted in the loss of the most 'healthy life years' in the Netherlands in 2019 were pneumococcal disease (9,500 DALYs), influenza (8,100 DALYs), and legionnaires disease (8,100 DALYs). These top-3 have remained the same for some years now.

We also report a first estimate of the burden of disease of COVID-19 in the Netherlands in 2020, in view of the large-scale impact of this disease in our country as well as globally. The burden of disease from the first surge of infections in 2020 (until 1 July) is estimated at (rounded off) 58,500 DALYs. Most life years were lost because people died earlier than they would have in a situation without COVID-19. This burden of disease is based on the number of patients who were diagnosed with having COVID-19 via laboratory tests. The actual burden is higher since not everyone with symptoms was tested for the virus.

Keywords: State of infectious diseases, infectious diseases, monitoring, notifiable infectious diseases, burden of disease

Inhoud

1	Introductie	9
2	Uitbraken en epidemiologische trends	10
2.1	Introductie	10
2.2	Respiratoire infectieziekten	10
2.3	Gastro-enterale infecties en zoönosen	18
2.4	Infectieziekten waartegen in het Rijksvaccinatieprogramma (RVP) gevaccineerd wordt	19
2.5	Seksueel overdraagbare aandoeningen (Soa)	22
2.6	Antimicrobiële resistentie en zorggerelateerde infecties	23
2.7	Overige signalen	25
2.8	Buitenlandse signalen	27
3	Ziekte­last van infectieziekten in Nederland	28
3.1	Ziekte­last van infectieziekten in Nederland, 2015-2019	28
3.2	Ziekte­last COVID-19 in de eerste golf van 1 maart tot en met 30 juni 2020	35
	Appendices	39
	Appendix 1. Meldingsplichtige infectieziekten	39
	Appendix 2 Surveillance op basis van de virologische weekstaten	41
	Referenties	43

1

Introductie

Voor u ligt de veertiende editie van de ‘Staat van Infectieziekten in Nederland’. Dit jaarlijkse rapport is met name geschreven voor beleidsmakers van het Ministerie van Volksgezondheid, Welzijn en Sport en voor medewerkers van GGD-en en het Centrum Infectieziektebestrijding (CIb) van het RIVM. Het biedt een overzicht van de meest relevante signalen, ontwikkelingen en ziektelast van infectieziekten, die relevant zijn voor de publieke gezondheid in Nederland.

Verdiepende en meer gedetailleerde rapporten zijn beschikbaar voor specifieke velden binnen de epidemiologie en bestrijding van infectieziekten (luchtweginfecties, tuberculose, seksueel overdraagbare aandoeningen, zoönosen, voedselgerelateerde uitbraken, antimicrobiële resistentie, antibioticumgebruik, zorggerelateerde infecties en ziekten waartegen het Rijksvaccinatieprogramma beschermt).

Hoofdstuk 2 beschrijft signalen en epidemiologische ontwikkelingen op het gebied van infectieziekten binnen

Nederland in 2019. Ook worden voor Nederland relevante internationale signalen besproken. In Hoofdstuk 3 presenteren wij nieuwe schattingen van de ziektelast van infectieziekten in Nederland voor de jaren 2015-2019. In dit hoofdstuk is een eerste schatting van de ziektelast van de eerste golf (27 februari- 1 juli 2020) van COVID-19 in Nederland geschetst. In verband met de COVID-19 epidemie is deze editie van de ‘Staat van Infectieziekten in Nederland’ minder uitgebreid en verschijnt het later in het jaar dan voorgaande jaren. Daarnaast ontbreekt dit jaar het thematisch hoofdstuk.

Dit rapport is geschreven door de afdeling Signalering en Surveillance binnen het Centrum voor Epidemiologie en Surveillance van Infectieziekten (EPI) van het Centrum Infectieziektebestrijding (CIb), met medewerking van experts binnen het CIb en bij GGD-en, en geproduceerd door RIVM Communicatie. Feedback en suggesties voor volgende edities zijn van harte welkom.

2

Uitbraken en epidemiologische trends

2.1 Introductie

In dit hoofdstuk worden de voor de publieke gezondheid meest relevante infectieziekten-signalen ten aanzien van uitbraken en epidemiologische trends in Nederland en het buitenland beschreven. De selectie hiervan is gebaseerd op signalen die in 2019 in het Wekelijks Overzicht Infectieziektesignalen (het verslag van het wekelijks *Signaleringsoverleg*) zijn opgenomen. Bronnen voor signalen zijn onder andere de surveillance van meldingsplichtige infectieziekten, laboratoriumsurveillance (virologische weekstaten en ISIS-AR), de surveillance bij huisartsenpraktijken van het *Nivel* en de Centra Seksuele Gezondheid. Deze infectieziekten-surveillance-systemen zijn in voorgaande edities van dit rapport uitgebreid omschreven [1, 2]. Waar relevant zijn ook gegevens getoond van begin 2020, bijvoorbeeld bij doorlopende uitbraken of seizoensgebonden infectieziekten zoals influenza. In Appendices 1 en 2 zijn de volledige tabellen te vinden van de meldingsplichtige infectieziekten en virologische weekstaten van 2019 en voorgaande jaren. Voor uitgebreidere informatie en toelichting met betrekking tot de epidemiologie en surveillance van infectieziekten verwijzen wij naar de diverse jaarlijkse RIVM-CIb-EPI-rapportages (zie Tabel 2.1) en de *'Staat van Zoönosen'*.

2.2 Respiratoire infectieziekten

Legionellose

In 2019 zijn 566 meldingen gedaan van longontsteking door *Legionella* (legionellapneumonie), waarvan 395 in Nederland opgelopen en 170 waarschijnlijk in het buitenland (bij één melding was dit onbekend). Dit aantal is vergelijkbaar met het aantal meldingen in voorgaande jaren (Figuur 2.1). De stijgende trend vanaf 2012 tot en met 2018 lijkt daarmee niet verder door te zetten. In augustus 2019 was de incidentie relatief hoog met 120 legionellose meldingen, waarvan 76 in Nederland werden opgelopen. Deze meldingen kwamen uit verschillende delen van het land en het geografisch verspreide patroon paste bij een stijging van de legionellose incidentie gerelateerd aan regenval na een periode van warm weer [3]. Ongeveer een derde van de gemelde patiënten met legionellose (30%, 170 patiënten) liep de infectie op na een buitenlandse reis, waarbij Italië, Frankrijk en Duitsland de meest bezochte landen waren. In augustus 2019 was er een cluster van *Legionellapneumonie* en Pontiac fever op een Franse camping waarbij elf campinggasten ziek werden. Bij dit cluster waren in totaal acht Nederlanders betrokken waarvan vijf kinderen, die allen dezelfde jacuzzi van

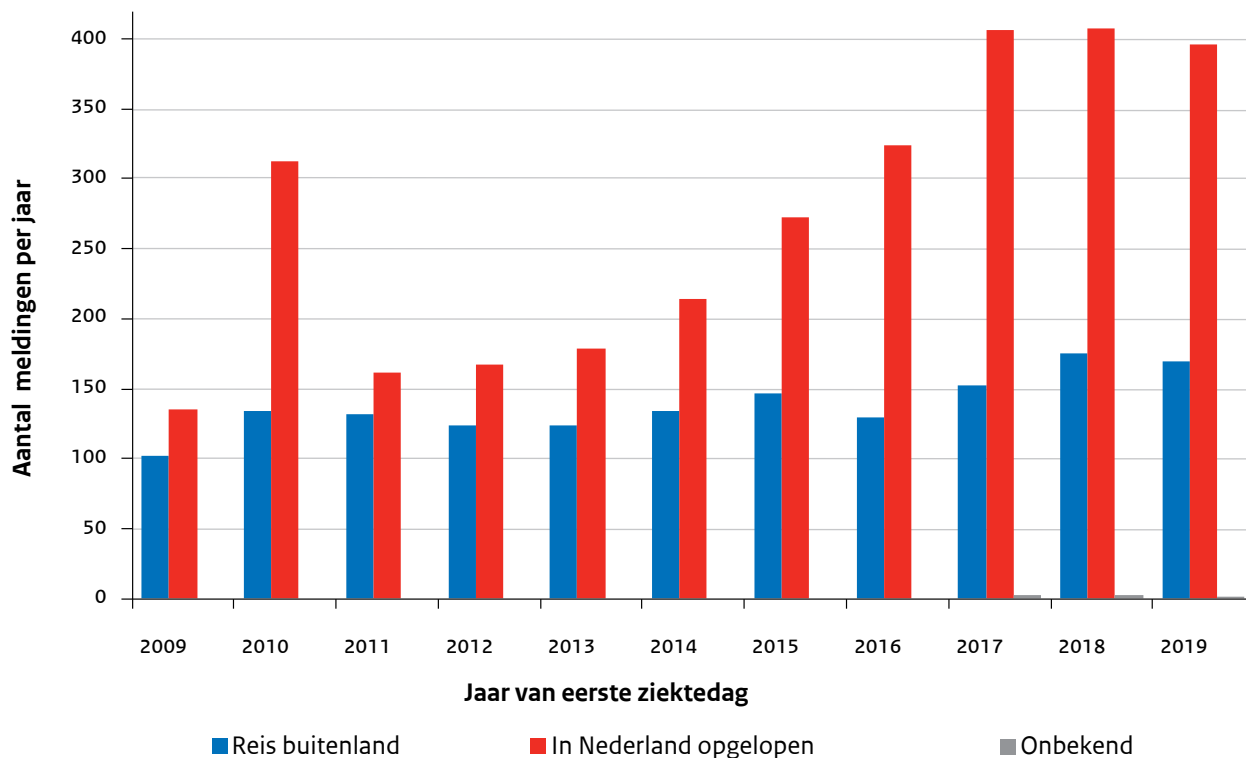
een vakantiewoning hadden gebruikt. Na de vondst van 2 industriële afvalwaterzuiveringen (AWZI) als besmettingsbron van legionellose in 2017 en 2018, werd ook in 2019 weer een AWZI aangetoond als waarschijnlijke besmettingsbron bij een legionellose cluster. In de AWZI werd hetzelfde genotype (*L. pneumophila* ST47) gevonden als bij een van de vier

patiënten van een cluster. Dit specifieke genotype wordt gevonden bij een derde van de patiënten die in Nederland besmet raken, maar wordt zelden in een bron aangetoond. Ook in een RIVM onderzoek werd een associatie gevonden tussen legionellose en blootstelling aan aerosolen van AWZI's [4].

Tabel 2.1. Jaarlijkse RIVM-CIb-EPI rapporten m.b.t. de epidemiologie en surveillance van infectieziekten, antimicrobiële resistentie en antibioticagebruik.

Onderwerp	Naam rapport	Publicatiemoment
Respiratoire infecties	<u><i>Surveillance of influenza and other respiratory infections: winter 2018/2019. Annual report</i></u>	Najaar
	<u><i>Tuberculose in Nederland 2018: Surveillancerapport inclusief rapportage monitoring van interventies</i></u>	Najaar
Gastro-enterale infecties en zoönosen	<u><i>Registratie voedselgerelateerde infecties in Nederland, 2018-2019</i></u>	Najaar
	<u><i>Staat van Zoönosen 2019</i></u>	Najaar
	<u><i>Ziekte last van via voedsel overdraagbare ziekteverwekkers in Nederland in 2018</i></u>	Najaar
	<u><i>Monitoring of Antimicrobial Resistance and Antibiotic Usage in Animals in the Netherlands in 2019</i></u>	Zomer
Rijksvaccinatieprogramma	<u><i>The National Immunisation Programme in the Netherlands: surveillance and developments in 2019-2020</i></u>	Najaar
	<u><i>Vaccinatiegraad en jaarverslag Rijksvaccinatieprogramma Nederland 2019</i></u>	Zomer
Seksuele overdraagbare aandoeningen	<u><i>Sexually transmitted infections in the Netherlands in 2019</i></u>	Zomer
Antimicrobiële resistentie en antibioticagebruik	<u><i>NethMap 2020: Consumption of antimicrobial agents and antimicrobial resistance among medically important bacteria in the Netherlands / MARAN 2020: Monitoring of antimicrobial resistance and antibiotic usage in animals in the Netherlands in 2019</i></u>	Zomer
Zorggerelateerde infecties	<u><i>PREZIES Module: Referentiecijfers Prevalentieonderzoek ziekenhuizen</i></u>	Zomer

Figuur 2.1. Aantal meldingen van legionellapneumonie opgelopen in het buitenland (blauw) of in Nederland (rood), per jaar, 2009 tot en met 2019. (Bron: Osiris)

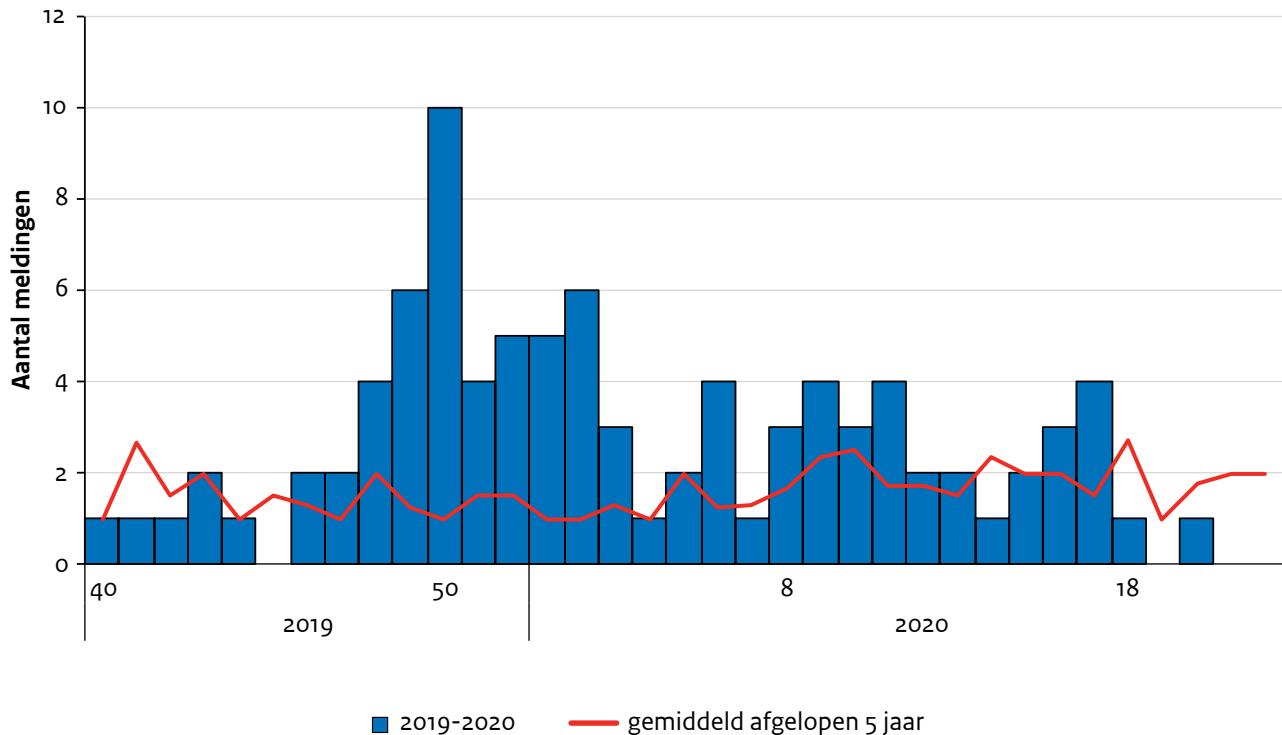


Psittacose

In het najaar en de winter van 2019/2020 was een landelijke verheffing zichtbaar van psittacose. In totaal werden 66 patiënten met psittacose gemeld in de periode van eind november 2019 tot en met half maart 2020, waar in dezelfde periode in de voorgaande 5 jaren 10 tot 20 patiënten werden gemeld (Figuur 2.2). In eerste instantie betroffen de meldingen vooral patiënten woonachtig in het oosten van het land, maar later breidde dit uit met een toename van meldingen uit andere regio's in het midden en zuiden van Nederland. Vooral in week 48 2019 tot en met week 3 2020 was het aantal meldingen hoger was dan in de afgelopen 5 jaren. De piek van ziektegevallen viel in week 50, met 10 meldingen in die week. Alle gemelde patiënten zijn in het ziekenhuis opgenomen waarvan een patiënt is overleden. Genotypering van humane patiënten door middel van genotypering van een gedeelte van het outer membrane protein gen (OmpA genotypering), liet zien dat de verwekker in 35 van de 42 patiënten van wie materiaal getypeerd kon worden, genotype A betrof. Dit was opvallend, aangezien normaliter naast genotype A ook veel genotype B gevonden wordt (in de jaren 2015 t/m 2018 was 39% van de typeerbare monsters genotype A en 36% genotype B). Op het materiaal van negen patiënten kon met succes MLST-typing worden toegepast. Hieruit zijn drie verschillende stammen naar

voren gekomen: genotype A/MLST24 en genotype A/MLST218 en genotype A (met 1 nucleotide verschil; sterk gelijkende variant)/MLST218. Op basis van deze MLST-resultaten lijkt het waarschijnlijk dat er meerdere bronnen waren. Het vragenlijstonderzoek onder de patiënten heeft niet tot de identificatie van één gemeenschappelijke specifieke bronlocatie geleid. Wel bleken veel patiënten contact met wilde vogels en hun uitwerpselen te hebben gehad in de vier weken voor de eerste ziekte dag. De resultaten van het uitgevoerde patiëntcontrole onderzoek wijzen erop dat zowel contact met wilde vogels als gehouden vogels risicofactoren zijn voor psittacose. Ook de woonomgeving lijkt een rol te spelen, waarbij mensen die wonen in een straal van 5 km van pluimveebedrijven een hoger risico op psittacose lijken te hebben. Meer details over deze psittacose verheffing en het uitbraakonderzoek zijn te vinden in hoofdstuk 3 'Uitgelicht' van het rapport 'Staat van Zoonosen 2019' [5].

Figuur 2.2. Aantal meldingen van psittacose naar eerste ziekte week, week 40-2019 tot en met week 22-2020. (Bron: Osiris)



Influenza

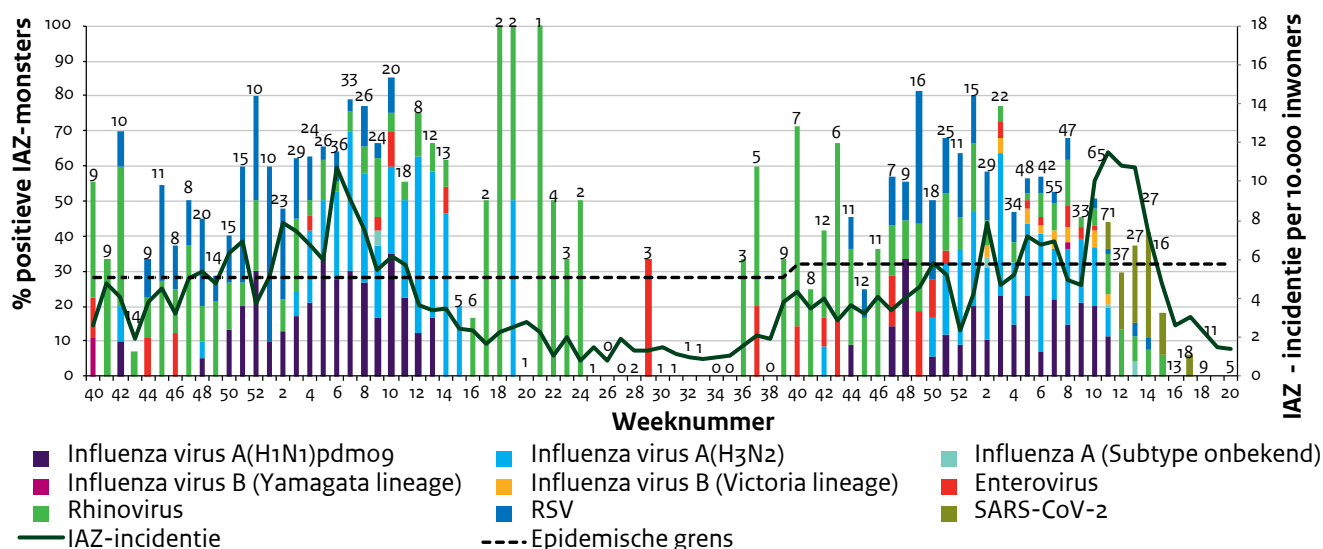
Seizoen 2018/2019

In 2018 startte de griep epidemie in week 50. De epidemie duurde in totaal veertien weken [6]. Dat is langer dan het gemiddelde van de afgelopen 20 jaar (negen weken), maar korter dan de lange griep epidemie van 2017/2018 (18 weken) [7, 8]. De griep epidemie van 2018/2019 was relatief mild [6]. Bij patiënten die zich meldden bij de Peilstations huisartsen van Nivel Zorgregistraties eerste lijn en met een influenza-achtig ziektebeeld (IAZ) werden in de eerste zes weken van de epidemie voornamelijk respiratoir syncytieel virus (RSV) en rhinovirussen aangetroffen (Figuur 2.3). Vanaf de zevende week van de epidemie werd er meer influenzavirus gedetecteerd in de IAZ-monsters. Influenzavirus type A werd het vaakst gedetecteerd, met de subtypen A(H1N1)pdm09 en A(H3N2) in ongeveer gelijke proporties (Figuur 2.3). In totaal zijn tussen oktober 2018 en mei 2019 naar schatting ongeveer 400.000 mensen ziek geworden door het griepvirus. Ongeveer 165.000 mensen gingen naar de huisarts met griepachtige klachten. Naar schatting moesten ruim 11.000 mensen vanwege complicaties van griep (meestal longontsteking) in het ziekenhuis worden opgenomen, tegenover 16.000 in het griepseizoen 2017/2018. Tijdens de griep epidemie zijn naar schatting 2.900 mensen meer overleden dan normaal is in deze periode, dit aantal is aanzienlijk lager dan in het 2017/2018 seizoen (9.500 ten tijde van de griep epidemie) [7, 8].

Seizoen 2019/2020

Aan het begin van het 2019/2020 seizoen is de epidemische drempel opnieuw berekend en aangepast van 5,1/10.000 inwoners naar 5,8/10.000 inwoners. De griep epidemie tijdens de winter van 2019/2020 verliep mild en duurde slechts vijf weken [9, 10]. Ook gedurende dit griepseizoen domineerde het influenzavirus type A, waarbij de subtypen A(H1N1)pdm09 en A(H3N2) in ongeveer gelijke proporties werd gedetecteerd. Van week 10 2020 tot en met week 13 2020 was de IAZ-incidentie weer verhoogd. Deze verhoging werd echter niet door circulatie van het influenzavirus veroorzaakt, maar door SARS-CoV-2, de verwekker van COVID-19 (Figuur 2.3).

Figuur 2.3. Wekelijkse percentage monsters positief getest voor een selectie van respiratoire virussen, afgenomen bij huisartspatiënten met influenza-achtig ziektebeeld (IAZ), en de IAZ-incidentie per 10.000 inwoners, van week 40-2018 tot en met week 20-2020. (Bron: RIVM/Nivel peilstationsurveillance en Nivel Zorgregistraties eerste lijn.)



Acute slappe verlamming gerelateerd aan enterovirusinfecties

Enterovirussen kunnen een groot aantal verschillende symptomen veroorzaken, variërend van milde gastro-intestinale en respiratoire symptomen tot ernstige klachten van neurologische aard, waaronder meningitis en ‘acute flaccid paralysis’ (acute slappe verlamming, AFP). Specifieke klachten van hand-voet-mond ziekte worden met name veroorzaakt door enterovirus A virussen waaronder EV-A71. Voor zowel EV-D68 en EV-A71 is alertheid geboden omdat beide virussen vaker geassocieerd worden met AFP. Sinds 2016 zijn er vijf AFP-gevallen gerelateerd aan een EV-D68 enterovirusinfectie in Nederland gerapporteerd aan het RIVM. In de afgelopen 10 jaar werd het EV-D68 elk jaar gedetecteerd in EV Surveillance/VIRO-TypeNed en in de Nivel Huisartsenpeilstation surveillance van influenza-achtig ziektebeeld (IAZ) en andere acute respiratoire infecties (ARI), met verheffingen in 2010, 2014, 2016, 2018 en in 2019.

In 2019 is er melding gemaakt van 31 patiënten met een EV-D68 infectie (waarvan één met AFP) en 20 patiënten met een EV-A71 infectie (geen melding van AFP) in TypeNed [11]. Eerder gepubliceerde gegevens suggereren EV-D68 circulatie in een tweejaarlijkse epidemische cyclus in Noord-Amerika en Europa [12-14]. De verheffing in het najaar van 2019 wijkt af van de 2 jaar cyclus en werd ook in dat jaar waargenomen in Frankrijk, Duitsland, Zweden en Denemarken [11].

In december 2019 is het advies van het Deskundigenberaad Acute Slappe Verlamming door enterovirus D68 en enterovirus A71 op de website van de Rijksoverheid openbaar gemaakt [15]. Om bij te dragen aan het kennisniveau en de alertheid onder medici wordt hierin geadviseerd om via de reguliere enterovirus-surveillance (met name EV-D68 en EV-A71) geassocieerde AFP gevallen te melden. Ook op advies van het Deskundigenberaad wordt in ziekenhuizen eind 2020 een retrospectief onderzoek gestart naar het vóórkomen van AFP en de mogelijke relatie met EV-D68 en EV-A71, met het doel om na te gaan of er aanwijzingen zijn voor onderschatting van de incidentie van AFP door niet-polio enterovirussen in de afgelopen 6 jaar. Voor deelnemende diagnostische laboratoria is het mogelijk om wekelijks de EV-D68 en EV-A71 typering in de virologische weekstaten te rapporteren als middel om de surveillance van deze pathogenen te verbeteren en versnellen.

COVID-19 (eerste golf van 27 februari tot en met 17 mei 2020)

Eind december 2019 werd er door de gemeentelijke gezondheidsautoriteiten van Wuhan (provincie Hubei, China) een melding gedaan van een cluster van mensen met een onverklaarde pneumonie [16]. Uit genetische analyse bleek de verwekker van de pneumonie een virus dat nog nooit eerder bij de mens gedetecteerd was, en dat gekarakteriseerd kon worden als een coronavirus. Het virus was het meest verwant aan 'severe acute respiratory syndrome' (SARS)-coronavirus. Uiteindelijk heeft het virus de naam SARS-Coronavirus-2 (SARS-CoV-2) gekregen, vanwege de gelijkenis met SARS-CoV. De ziekte veroorzaakt door SARS-CoV-2 kreeg de naam coronavirusziekte-19 (COVID-19).

Sinds de eerste melding in Wuhan is het lastig gebleken om verdere verspreiding te beperken. Door het beschikbaar stellen van de genetische sequentie van het virus was het mogelijk om diagnostische tests te ontwikkelen voor het vaststellen van mogelijke infecties bij mensen uit endemische gebieden. Medio januari 2020 werden enkele gevallen van SARS-CoV-2 infectie vastgesteld bij internationale reizigers afkomstig uit China. Door verbreding van de casusdefinitie van 'patiënten met pneumonie' tot 'patiënten met pneumonie en mildere respiratoire klachten', plus een toename van de testcapaciteit, was er een grote stijging in het aantal gerapporteerde gevallen in China rondom 20 januari 2020. Daarna is het virus snel verspreid over de wereld; op 30 januari heeft de Wereldgezondheidsorganisatie (WHO) COVID-19 uitgeroepen tot 'public health emergency of international concern' (PHEIC), en op 11 maart verklaarde de WHO COVID-19 een pandemie.

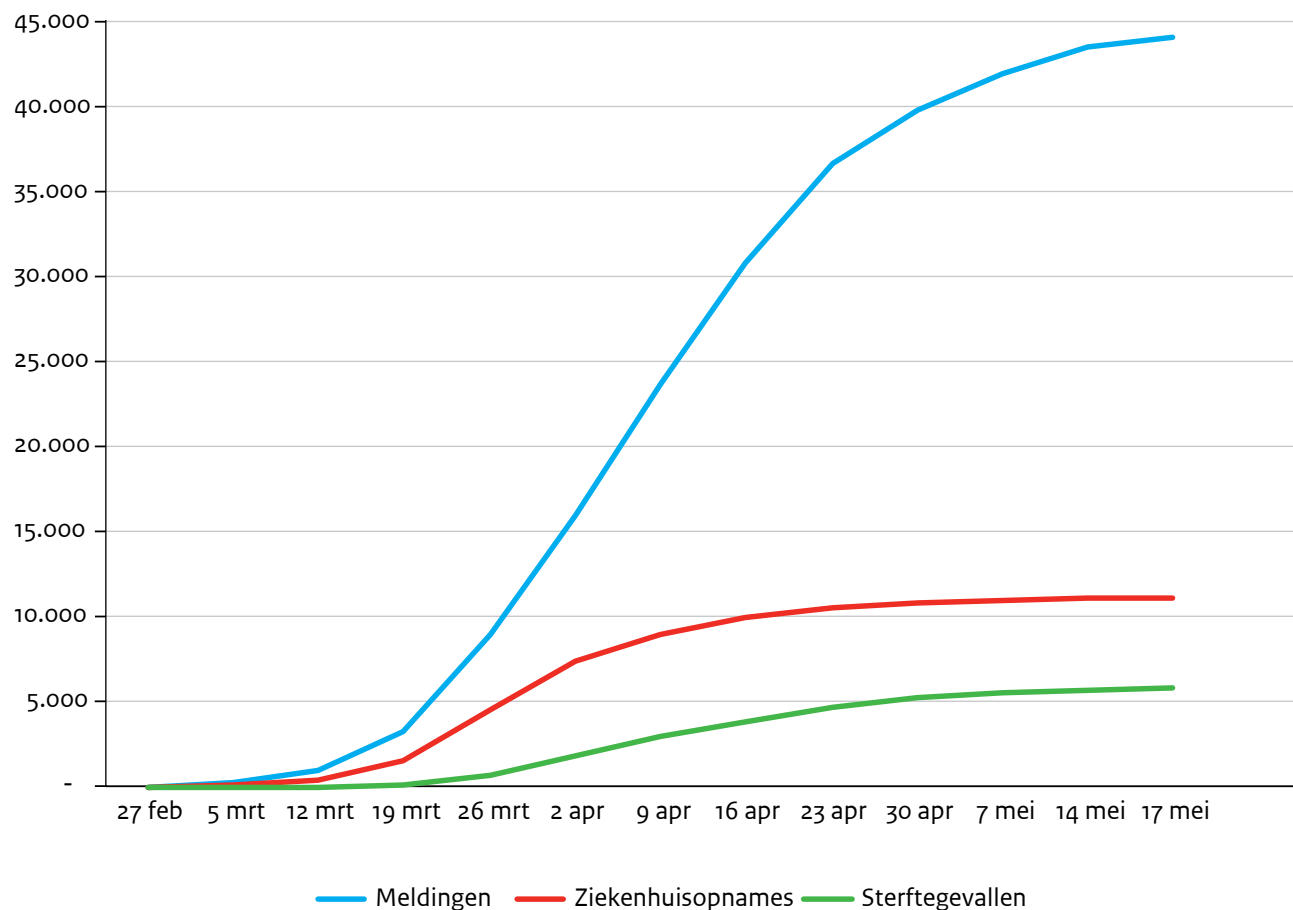
Op 28 januari 2020 werd COVID-19 in Nederland als een meldingsplichtige infectieziekte groep A geclassificeerd. Het eerste geval van COVID-19 in Nederland werd gemeld op 27 februari 2020, in de provincie Noord-Brabant [17]. Op 6 maart 2020 was het aantal COVID-19 meldingen opgelopen tot 128 [18, 19]. De voorjaarsvakantie in het zuiden van Nederland, de terugkomst van Nederlandse wintersporters uit Noord-Italië en Oostenrijk, en het vieren van Carnaval, droegen bij aan snelle verspreiding van het virus in de provincies Noord-Brabant en Limburg, en vervolgens naar overige delen van Nederland.

Sinds 27 februari 2020 tot en met 31 augustus 2020 zijn er ruim 71.000 personen met COVID-19 gemeld in Nederland, met een mediane leeftijd van 52 jaar. Hiervan zijn ruim 12.000 personen opgenomen (geweest) in een ziekenhuis. De mediane leeftijd van de in het ziekenhuis opgenomen personen was 68 jaar. Ongeveer 5.800 personen met COVID-19 zijn gemeld als overleden met

een mediane leeftijd van 82 jaar. Vanwege beperkt testbeleid in de eerste fase van de pandemie zijn de aantallen COVID-19 meldingen (mild en ziekenhuisopnames) en - overlijdens een onderschatting zijn van het daadwerkelijke aantal patiënten en overlijdens, zeker in de periode tot 1 juni 2020. Sindsdien is het testbeleid aanzienlijk verruimd.

Epidemiologische curves van meldingen, ziekenhuisopnames en overlijdens zijn te vinden in het wekelijkse rapport over de Epidemiologische situatie van COVID-19 in Nederland [20]. Een schatting van de ziektelast door COVID-19 in de eerste golf wordt gepresenteerd in hoofdstuk 3 van dit rapport. Uitgebreidere rapportages over de COVID-19 epidemie in Nederland volgen in 2021, onder andere in de 'Staat van Infectieziekten in Nederland over het jaar 2020'.

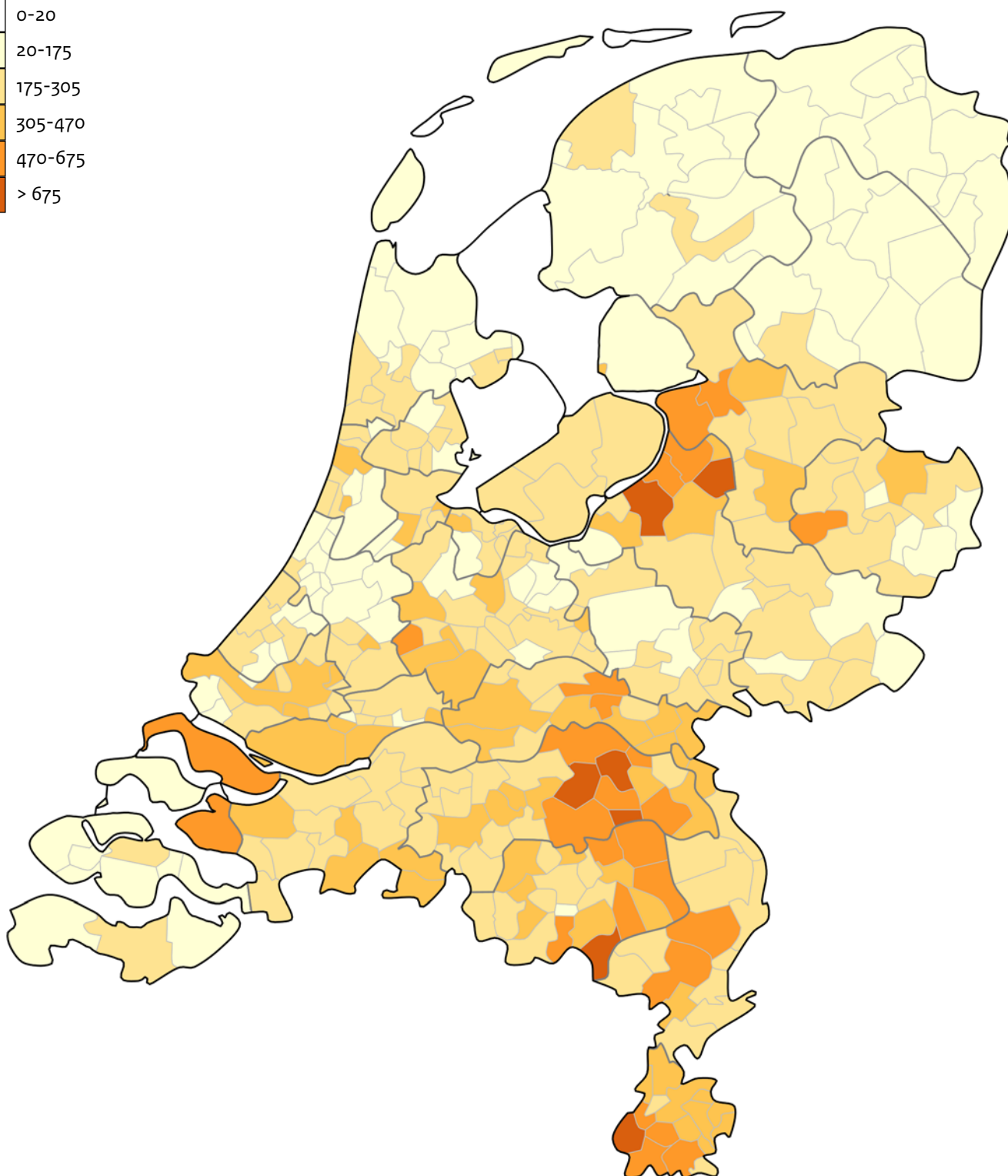
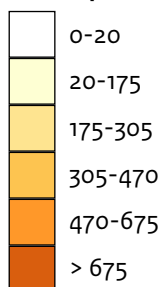
Figuur 2.4. Cumulatief aantal gemelde (laboratoriumbevestigde) COVID-19 patiënten bij de GGD, naar meldingsdatum, 27 februari tot en met 17 mei 2020 (week 20).



De blauwe lijn geeft het aantal gemelde patiënten weer, de oranje lijn het aantal gemelde in een ziekenhuis opgenomen patiënten, en de grijze lijn het aantal gemelde overleden patiënten. Dit betreft allemaal patiënten met een laboratoriumbevestigde COVID-19.

Figuur 2.5. Totaal aantal bij de GGD'en gemelde COVID-19 patiënten per 100.000 inwoners per gemeente tot en met 17 mei 2020. De donkergrijze lijnen geven de grenzen van de GGD-regio's weer.

Aantal per 100.000 inwoners



2.3 Gastro-enterale infecties en zoönosen

Listeriose

In 2019 waren er 117 meldingen van listeriose, aanzienlijk meer dan het gemiddeld aantal meldingen in de afgelopen 5 jaar (91 meldingen per jaar) [5]. Opvallend was een cluster van aanvankelijk zeven patiënten, reeds in het najaar van 2018 middels whole genome sequencing (WGS) geïdentificeerd, waarbij er een link was met een voedselisolaat verkregen in routine surveillance door Nederlandse Voedsel- en Warenautoriteit (NVWA) uit 2017. Uit de beschikbare gegevens van de patiënten werd toen geen bron gevonden. Aangezien er op dat moment geen nieuwe patiënten bij kwamen, werd er geen verder onderzoek verricht. Eind juli 2019 werd duidelijk dat het WGS-cluster opnieuw groeide (Figuur 2.6). De NVWA heeft vervolgens onderzoek naar de herkomst van het voedselisolaat ingezet, dit betrof een vleesverwerkingsbedrijf. Dit leidde tot het vinden van een WGS-match tussen recente voedselisolaten van deze productielocatie en de humane isolaten. De productie van vleeswaren is daarop bij deze producent stilgezet en producten zijn uit de handel gehaald met bijbehorende publiekswaarschuwingen.

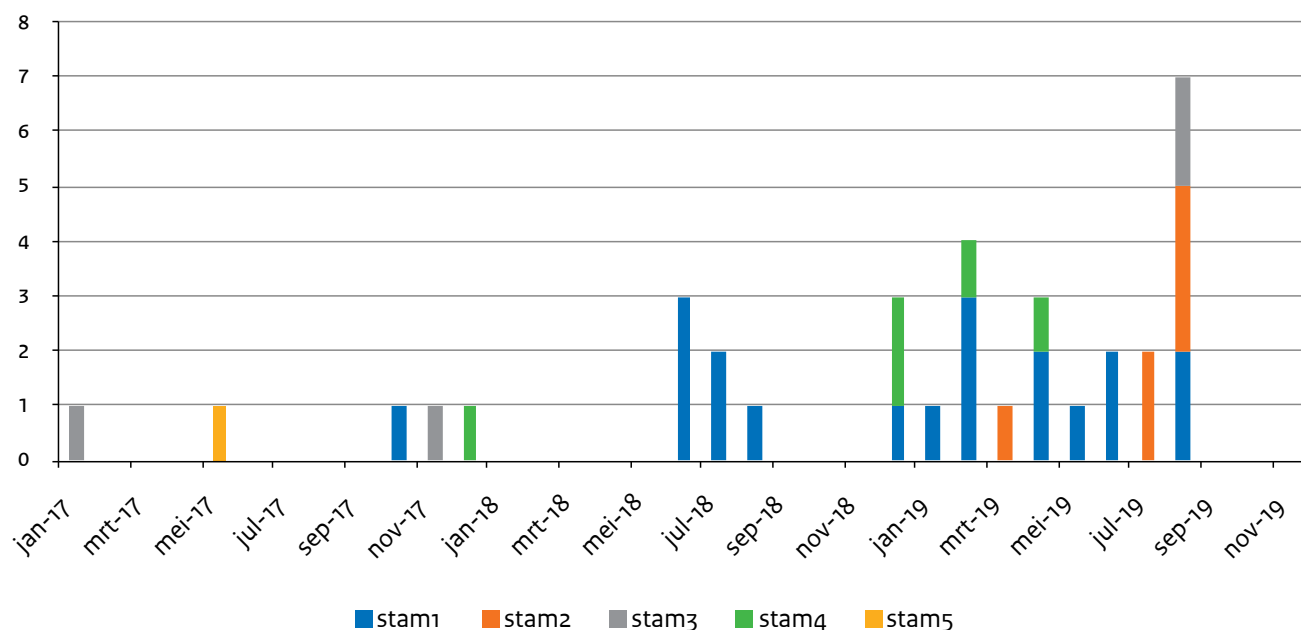
Uiteindelijk werd bij 19 patiënten in Nederland en twee in België deze specifieke *Listeria*-stam aangetroffen. Bij het vervolgonderzoek werden nog zeven andere stammen aangetroffen op de productielocatie of in de vleeswaren hiervan, waarbij vier van deze stammen ook bij listeriose-patiënten zijn aangetroffen. Deze vier stammen konden worden gerelateerd aan nog eens 16 patiënten

en daarmee komt het totale aantal Nederlandse zieken gerelateerd aan deze vleeswarenverwerkingsfabriek met een eerste ziektedag tussen 1 januari 2017 en 31 augustus 2019 op 35, waaronder twee zwangeren. Zes zieken (17%) uit 2019 zijn overleden. Figuur 2.10 geeft de epicurve weer, waarbij stam 1 de al bekende stam is en de recall van de vleeswaren op 3 oktober startte. In de rest van 2019 zijn geen patiënten met listeriose door één van deze uitbraakstammen meer gemeld.

Salmonellose

In Europa heerst al meerdere jaren een uitbraak van *Salmonella* Enteritidis. Sinds februari 2012 zijn in totaal 1.656 gevallen gemeld, waarvan 1.041 bevestigde gevallen op basis van WGS en 615 waarschijnlijke gevallen op basis van multi-locus variable tandem repeat analyses (MLVA) typering. Meerdere onderzoeken in 2016 concludeerden dat eieren afkomstig uit Polen de bron waren van deze *S. Enteritidis* uitbraak [21]. De controlemaatregelen die eind 2016 werden geïmplementeerd naar aanleiding van het uitbraakonderzoek lijken ontoereikend. Nieuwe gevallen werden gemeld in 2017 en in 2018 met een vergelijkbare omvang en seizoenspatroon. Sinds februari 2017 zijn in totaal 656 bevestigde en 202 waarschijnlijke gevallen gemeld. In Nederland zijn slechts enkele bevestigde gevallen gemeld sinds 2017, waarschijnlijk omdat in Nederland geen eieren meer afgenomen worden van het betrokken Poolse bedrijf. In augustus 2019 werd door GGD Amsterdam en GGD regio Utrecht melding gedaan van een voedseluitbraak gerelateerd aan een familiefeest en twee andere locaties

Figuur 2.6. Aantal patiënten met listeriose behorend tot het uitbraakcluster, naar maand van 1^e ziektedag en *Listeria*-stam, januari 2017-augustus 2019. (Bron: Osiris)



waar hetzelfde dessert, tiramisu, werd gegeten. In totaal waren tussen de 35 en 40 personen betrokken bij deze uitbraak. In totaal werden 23 personen ziek, waarvan tien personen opgenomen werden in het ziekenhuis. Van de 23 zieke personen hadden 21 de zelfgemaakte tiramisu gegeten, waarin rauwe eieren waren verwerkt. De verdenking ging uit naar deze eieren als mogelijke bron van de uitbraak, welke afkomstig waren van een kleine supermarkt. Bronopsporing door de NVWA toonde aan dat eieren van deze supermarkt afkomstig waren uit Spanje en verkocht werden in de kleine supermarkt. Op basis van WGS werden ze bevestigd als de bron van de uitbraak. Ook bleek op basis van WGS dat het cluster groter was dan aanvankelijk gedacht en zich niet beperkte tot het familiefeest. Nog 28 gevallen gemeld in 2019 bleken te horen tot het cluster, waarvan het merendeel gemeld werd in de maanden juni – augustus, en vier in 2018. Binnen dit WGS cluster werden er vijf verschillende MLVA-typen geïdentificeerd. Nadat de NVWA de traceringshad afgerond en de eieren van de markt had gehaald (oktober 2019), deden zich geen nieuwe gevallen meer voor.

Campylobacteriose

In 2019 is een aantal gemelde laboratorium bevestigde gevallen van campylobacteriose opnieuw gestegen (n=6077 in 2019) wat een kentering is sinds de daling vanaf 2011 (met laagste aantal van n=5557 in 2017). Humane Campylobacter-isolaten vertonen sinds de jaren negentig een geleidelijke stijging in resistentie tegen fluoroquinolonen (norfloxacin, ofloxacin en ciprofloxacin). Het percentage lag tussen 2014-2018 rond de 60%, maar is in 2019 gestegen tot 68,9%, wat gezien wordt als serieuze bedreiging voor de volksgezondheid. Eenzelfde verloop wordt gevonden voor tetracycline, op een lager niveau, maar met een toename van 40-45% in 2014-2016 tot boven 50-55% in 2018 en 2019.

Shigellose

Sinds begin 2019 is het aantal shigellose meldingen onder MSM mannen toegenomen. In 2019 werden in totaal 145 MSM patiënten met shigellose gemeld ten opzichte van 65 – 87 in 2015 – 2018. Het percentage meldingen afkomstig van GGD Amsterdam was 29% in 2019, dit is aanzienlijk lager dan voorgaande jaren (variërend tussen 40% en 53%). Dit betekent dat de overige meldingen meer verspreid zijn over Nederland, vergeleken met voorgaande jaren. Het overgrote gedeelte (80%) van de infecties werd opgelopen in Nederland. Het betrof 89 *Shigella sonnei*, 54 *Shigella flexneri*, 1 *Shigella boydii* en één onbekend. Een deel van de isolaten liet, d.m.v. WGS, zien dat het merendeel van de gevallen gerelateerd was aan enkele bestaande MSM-clusters, evenals aan enkele (multiresistente) internationale clusters.

2.4 Infectieziekten waartegen in het Rijksvaccinatieprogramma (RVP) gevaccineerd wordt

Veranderingen in het Rijksvaccinatieprogramma

De Gezondheidsraad heeft in december 2018 geadviseerd vaccinatie tegen meningokokken groep A, C, W en Y (MenACWY) op te nemen in het Rijksvaccinatieprogramma voor kinderen van 14 maanden (sinds mei 2018) en 14 jaar [22]. De staatssecretaris van Volksgezondheid, Welzijn en Sport heeft dit advies overgenomen, waarna de vaccinatie is geïmplementeerd in januari 2020. Tussen oktober 2018 en juni 2019 was al een MenACWY vaccinatiecampagne uitgevoerd voor adolescenten geboren in 2001-2005 [22].

Maternale kinkhoestvaccinatie met behulp van een DKT-vaccin is vanaf 16 december 2019 opgenomen in het Rijksvaccinatieprogramma. In 2018 liet naar schatting al 13% van de zwangere vrouwen zich al op eigen initiatief en kosten vaccineren tijdens de zwangerschap. In de eerste maanden van 2019 was dit 26% [23, 24]. Na invoering van de maternale kinkhoestvaccinatie in het RVP, is de schatting dat ongeveer 70% van de zwangere vrouwen zich laat vaccineren [25]. Met de invoering van de maternale kinkhoestvaccinatie veranderde ook het vaccinatieschema voor zuigelingen. Het eerdere schema waarbij zuigelingen gevaccineerd werden op 2, 3, 4 en 11 maanden is gewijzigd naar een schema waarbij zuigelingen gevaccineerd worden op 3, 5 en 11 maanden. Als de moeder geen maternale kinkhoestvaccinatie heeft gehad, deze korter dan twee weken voor de bevalling is toegediend of het kind behoort tot een uitzonderingsgroep (prematuren, moeder drager van hepatitis B-virus of immunosuppressivagebruik door moeder), krijgt het kind een 2, 3, 5, 11-maanden schema.

Daarnaast besloot het ministerie van Volksgezondheid, Welzijn en Sport op advies van de Gezondheidsraad om vanaf 2022 naast meisjes ook jongens tegen HPV te gaan vaccineren en om het vaccin aan te gaan bieden rond 9 jaar in plaats van 12/13 jaar [26]. Ook worden de mogelijkheden verkend om ongevaccineerden de vaccinatie tot en met 26 jaar nog aan te bieden.

Vaccinatiegraad

De landelijke vaccinatiegraad is voor het eerst sinds vijf jaar licht gestegen. Bij zuigelingen, geboren in 2017, geldt dit in het bijzonder voor de vaccinatie tegen bof, mazelen en rodehond (BMR) [27]. Deze is met 0,7 procent gestegen tot 93,6 procent. De landelijke vaccinatiegraad voor de HPV-vaccinatie (baarmoederhalskanker) voor meisjes, geboren in 2005, is met 7,5% toegenomen tot 53%.

Mazelen

Van begin juni tot eind augustus 2019 was er een mazelenuitbraak op Urk. Er werden 32 patiënten gemeld die gerelateerd zijn aan deze uitbraak. Dit waren vrijwel allemaal niet-gevaccineerde kinderen, die inmiddels allemaal hersteld zijn. Tijdens de uitbraak is tijdelijk een vervroegde bof, mazelen, rodehond (BMR)-vaccinatie aangeboden op Urk.

In Nederland zijn in 2019 84 patiënten met mazelen gemeld in de leeftijd van 8 maanden tot 54 jaar. Dit is meer dan in de voorgaande vier jaren waarbij tussen de zes en 24 patiënten met mazelen per jaar werden gemeld. De meeste patiënten die in 2019 gemeld werden, zijn zelf in het buitenland besmet geraakt (23%) of gerelateerd aan import gevallen (46%). Voor zover het genotype van het mazelenvirus van deze patiënten bekend is, gaat het om genotype D8. Dit genotype is de afgelopen tijd in veel verschillende Europese landen gevonden.

Meningokokkenziekte serogroep W

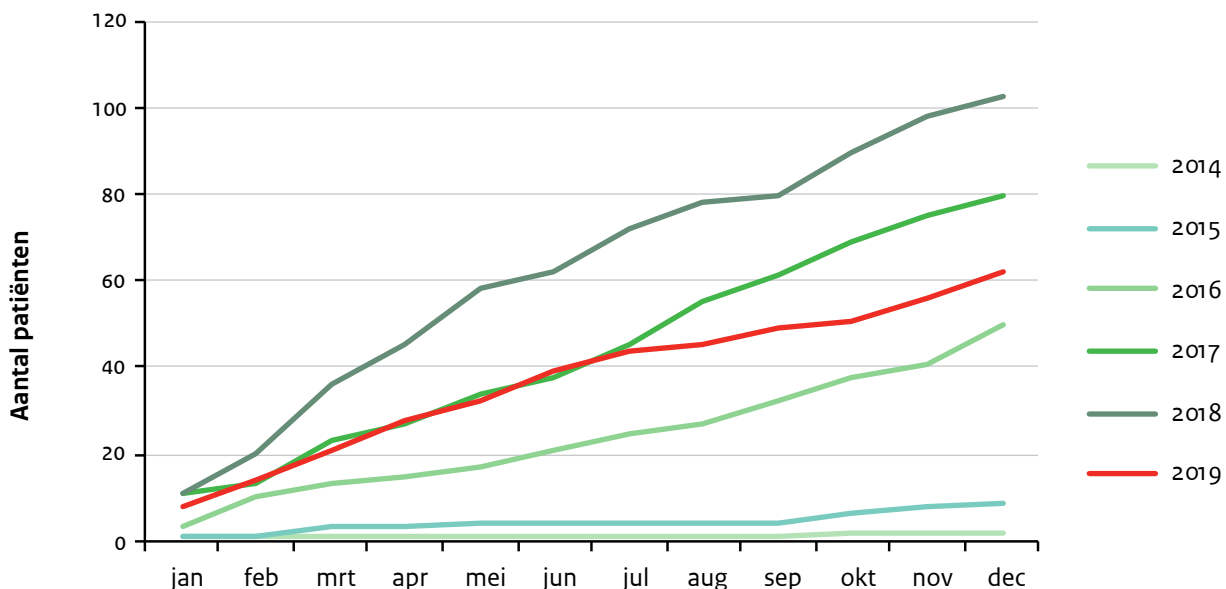
In 2019 daalde het aantal patiënten met invasieve meningokokkenziekte serogroep W (MenW) in Nederland (Figuur 2.7). Er werden in 2019 62 MenW patiënten gemeld, ten opzichte van 103 in 2018 en 80 in 2017. De daling is te zien in zowel gevaccineerde als ongevaccineerde leeftijdsgroepen. In 2019 is er één gevaccineerde en één ongevaccineerde MenW patiënt gemeld in de geboortecohorten die in 2018 en 2019 in aanmerking kwamen voor MenACWY vaccinatie. Dit wijst op een hoge vaccineffectiviteit. Het is onzeker of de afname in de MenW incidentie in de ongevaccineerde leeftijdsgroepen (geheel) toe te schrijven is aan de MenACWY vaccinatiecampagne.

In 2018 en 2019 zijn ruim één miljoen 14-18-jarigen uitgenodigd voor MenACWY vaccinatie (geboortecohort 2001 tot en met 2005). Het opkomstpercentage was 84%. Daarnaast is geschat dat 2% van de jongeren uit geboortecohort 2001 tot en met 2005 een vaccinatie buiten de campagne heeft gehaald, gegeven door de GGD of door de huisarts. De totale opkomst komt daarmee op 86%.

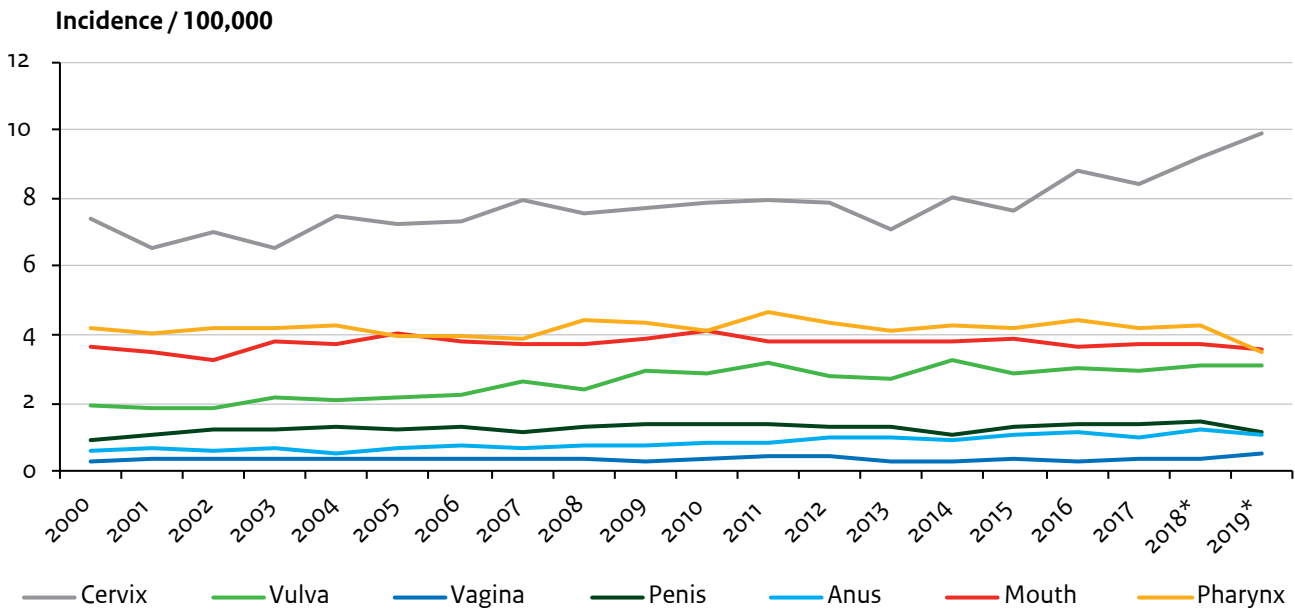
Humaan papillomavirus (HPV)

Een aanhoudende infectie met een hoog risico HPV (hrHPV) type is een noodzakelijke oorzaak bij het ontstaan van baarmoederhalskanker. De incidentie van baarmoederhalskanker neemt sinds 2016 toe tot 9,9 per 100.000 (n=912) in 2019 (Figuur 2.8). Het aantal doden veroorzaakt door baarmoederhalskanker is min of meer stabiel is gebleven (n=217 in 2018; Figuur 2.9). HPV kan ook op andere plaatsen in het lichaam kanker veroorzaken, zoals de vagina, vulva, penis, anus en de mond- en keelholte. De incidentie van en sterfte door deze andere HPV-gerelateerde kankers was tevens min of meer stabiel in de afgelopen vijf jaar (Figuur 2.8 en Figuur 2.9).

Figuur 2.7. Cumulatief aantal patiënten met meningokokkenziekte serogroep W, per maand, 2014 tot 2019. (Bron: Osiris/ Nederlands Referentielaboratorium voor Bacteriële Meningitis)



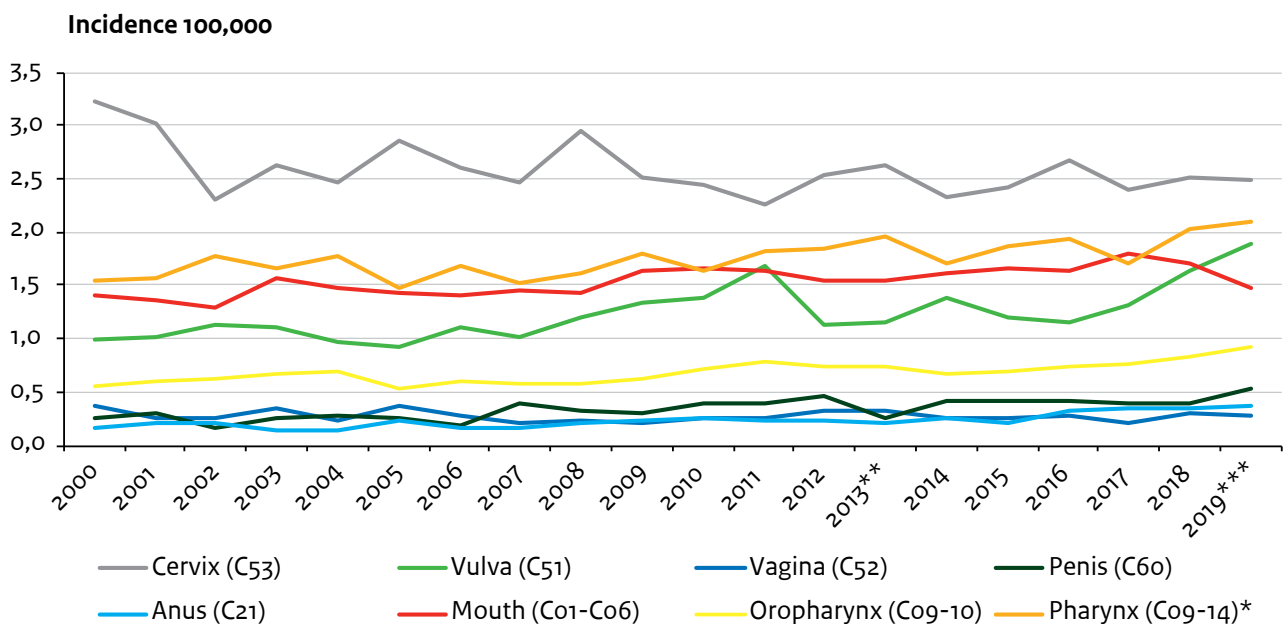
Figuur 2.8. Incidentie per 100.000 van HPV-gerelateerde kankers in Nederland in 2000-2019, naar type kanker.
(Bron: Integraal kankercentrum Nederland)



(Bron: Integraal kankercentrum Nederland)

* Voorlopige data

Figuur 2.9. Incidentie per 100.000 van HPV-gerelateerde overlijdens in Nederland in 2000-2018, naar type kanker.
(Bron: CBS)



* Inclusief overlijdens door oropharynx kanker

** Sinds 2013 gebruikt het CBS internationale software voor automatische codering van doodsoorzaken, waardoor enkele significante verschuivingen in doodsoorzaken zijn geobserveerd.

*** Voorlopige data

2.5 Seksueel overdraagbare aandoeningen (Soa)

Soa algemeen

Het aantal mensen dat zich in 2019 bij een Centrum voor Seksuele Gezondheid (CSG) heeft laten testen op de aanwezigheid van een soa is vrijwel gelijk aan 2018. Echter, het aantal consulten dat mannen die seks hebben met mannen (MSM) betrof nam toe, terwijl het aantal consulten dat vrouwen en heteroseksuele mannen betrof een afname liet zien (Figuur 2.10). Het percentage dat daadwerkelijk een soa had is in 2019 verhoogd ten opzichte van 2018. Chlamydia bleef de meest voorkomende soa onder heteroseksuelen. Bij MSM werd gonorrhoe het vaakst gediagnosticeerd. Bij huisartsenpraktijken nam het aantal soa-consulten toe, dit geldt zowel voor personen jonger als ouder dan 25 jaar.

Sinds juli 2019 is er een nationaal Pre-Expositie Profylaxe (PrEP) pilot programma gestart bij de CSG's [28, 29]. Op 31 december 2019 hadden 2.797 personen (98% MSM) hun eerste PrEP consult gehad binnen dit programma [30].

Lymfogranuloma venereum (LGV)

In 2019 werd door GGD Rotterdam-Rijnmond een melding gedaan van een verhoging in het aantal LGV gevallen in de maanden juni en juli. Alle gevallen betroffen MSM, waarvan opvallend was dat ongeveer de helft hiv-negatief was. Het aantal LGV-infecties neemt de laatste jaren toe in Nederland, onder zowel hiv-positieve als hiv-negatieve MSM. In 2019 werden 419 LGV gevallen gediagnosticeerd bij de CSG's; 51% meer dan in 2018 (278). Naar verhouding wordt LGV steeds vaker bij hiv-negatieve MSM vastgesteld en steeds vaker zonder klachten gerapporteerd. In 2019 was 60% van alle MSM met LGV hiv-negatief, in tegenstelling tot 23% in 2014. Het percentage asymptomatische cases is toegenomen van 33% in 2010 tot 61% in 2019.

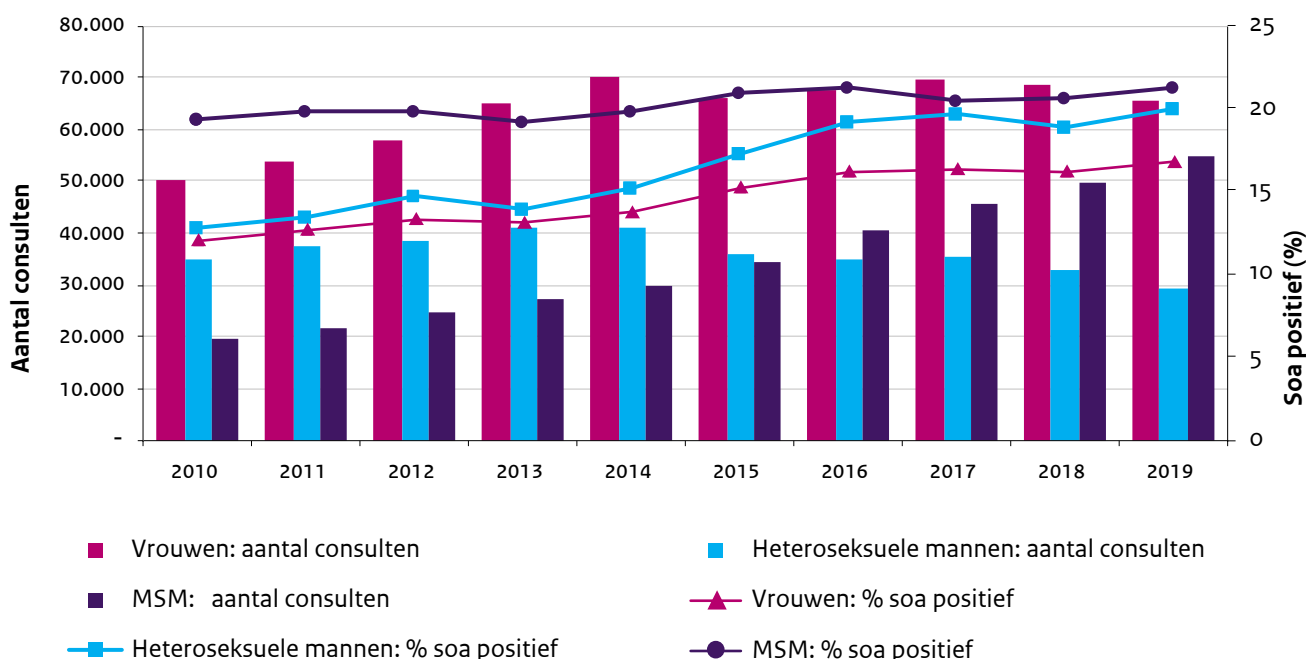
Stichting hiv-monitoring meldde een sterke daling in het aantal nieuwe hiv-diagnoses in de afgelopen drie jaar: van 976 in 2015 tot 671 in 2018. Nederland is hiermee goed op koers om het jaarlijks aantal nieuwe hiv-diagnoses tegen 2022 te halveren ten opzichte van 2015: één van de doelstellingen uit het Nationaal Actieplan soa, hiv en seksuele gezondheid [31]. Bij de CSG's was het aantal hiv-diagnoses de afgelopen jaren stabiel, maar in 2019 was er sprake van een sterke afname. In 2019 testten 164 personen positief, dat is ongeveer een derde minder dan in 2018.

Hiv

Fout-negatieve testuitslagen *Chlamydia trachomatis* test

In april 2019 rapporteerde het Finse publieke gezondheidsinstituut over fout-negatieve of niet-conclusieve testuitslagen voor *C. trachomatis* op basis van Aptima Combo 2® Assay (Hologic Inc., USA) (AC2). Een mutatie in het 23s rRNA gen was de meest waarschijnlijke oorzaak voor de discordante testresultaten. Deze nieuwe mutatie, de Finse variant (finCT) werd

Figuur 2.10. Aantal soa-consulten en percentages positieve testen in de CSG's, 2010-2019. Soa zijn hier: chlamydia, gonorrhoe, infectieuze syfilis, hiv en infectieuze hepatitis B.



aangetoond in Finland, Zweden en Noorwegen. Naar aanleiding van dit signaal is nagegaan of in Nederland ook discordante testresultaten zijn afgegeven en of finCT in Nederland voorkomt. Bij grootschalig onderzoek van het chlamydia referentielaboratorium en het Streeklaboratorium van GGD Amsterdam werd geen finCT aangetroffen. Wel werden er 2 finCT varianten ontdekt in los ingestuurde monsters met een finCT verdenking. De producent van de AC2 assay heeft inmiddels de test aangepast zodat de finCT variant kan worden gedetecteerd.

2.6 Antimicrobiële resistentie en zorggerelateerde infecties

In Nederland blijft in 2019 het aantal bacteriën die resistent zijn tegen antibiotica over het algemeen stabiel en is het resistentiepercentage minder hoog dan in veel andere landen. In 2019 zijn nauwelijks stijgingen in resistentie gevonden en bij sommige bacteriesoorten neemt de resistentie tegen bepaalde antibiotica zelfs iets af ten opzichte van de voorgaande jaren. Ook het aantal bacteriën dat resistent is tegen meerdere verschillende antibiotica tegelijkertijd, en daardoor moeilijker te behandelen, neemt niet toe.

Methicilline-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

De prevalentie van MRSA in Nederland is stabiel laag. Desondanks treden jaarlijks meerdere uitbraken op met MRSA. Van de gemelde uitbraken betrof het in 44% (n=26) van de gevallen een uitbraak met MRSA, waarvan 17 gevallen in een langdurige zorginstelling en negen in een ziekenhuis. Er traden ook uitbraken op buiten zorginstellingen.

Zo heeft in het najaar van 2019 een uitbraak buiten een zorginstelling plaatsgevonden met MRSA in het oosten van het land, met enkele gevallen in het westen van het land. Het betrof vrijwel uitsluitend patiënten met impetigo veroorzaakt door MRSA met multi-locus variable tandem repeat analyses (MLVA)-type MT4627 (MC0030) die ook fusidinezuur en erythromycine resistent was en genen voor exfoliatieve toxines bezat. In het oosten van het land was sprake van een reeds langer durende verheffing van impetigo. Op initiatief van de GGD en artsen-microbioloog was in de betreffende regio een intensiever kweekbeleid ingezet en de behandeladviezen werden aangepast op geleide van de resistentiebepaling. Uiteindelijk is in de periode juli tot en met januari 2020 bij in totaal 49 personen, vrijwel allemaal afkomstig uit de betreffende regio, dit MRSA-type vastgesteld, met daarnaast nog 3 gerelateerde personen met een passend klinisch beeld die niet zijn getest. De patiënten reageerden goed op de

aangepaste behandeling (mupirocine) en er waren geen ziekenhuisopnames.

Dit cluster was via familiecontacten gelinkt met enkele gevallen in het westen van het land. Een kind in dit tweede cluster had een ernstiger klinisch beeld van impetigo bullosa door MRSA. Daarnaast heeft een ander kind een impetigobeeld ontwikkeld en zijn enkele gezins- en huishoudcontacten positief getest op MRSA met hetzelfde MLVA-type. Dit MLVA-type MT4627 (MC0030) is niet vee-gerelateerd en produceert geen PVL-toxine. Het werd sinds 01-01-2008 slechts drie keer eerder gevonden (1x in 2014, 2x in 2018) onder in totaal 3415 isolaten in de nationale MRSA-surveillance database.

Van 15 isolaten uit de uitbraak werd 'whole genome sequencing' (WGS) verricht. Deze isolaten waren identiek en bevatten genen die voor meerdere exotoxines coderen waaronder exfoliatieve toxines, die geassocieerd zijn met impetigo en 'staphylococcal scalded skin syndrome'. Er was eveneens WGS verricht bij de isolaten uit 2014 en 2018. Eén van de isolaten uit 2018, afkomstig uit dezelfde regio in Oost-Nederland, was identiek aan de isolaten uit de huidige uitbraak. Kennelijk circuleerde deze stam daar al langer. Omdat er niet standaard een kweek wordt afgenomen bij impetigo die niet reageert op fusidinezuur, is het niet uitgesloten dat er onopgemerkt vaker sprake is van MRSA met dit specifieke MLVA-type als verwekker, en dat dit type ook op andere plaatsen in Nederland voorkomt.

Carbapenemase-producerende Enterobacterales (CPE)

CPE, waaronder *Klebsiella pneumoniae* en *Escherichia coli*, worden tot nu toe in Nederland incidenteel gezien, vooral bij patiënten die recent opgenomen zijn geweest in een buitenlands ziekenhuis. Uit analyses van gegevens in het landelijke surveillancesysteem van antibioticaresistentie (ISIS-AR) blijkt dat de proportie van carbapenemresistente *E. coli* en *K. pneumoniae* over de jaren heen minimaal is toegenomen (van 0,03% in 2015 tot 0,08% in 2019 in *E. coli* en van 0,35% tot 0,50% in *K. pneumoniae*), maar dat het nog steeds laag blijft [32].

Sinds 1 juli 2019 is in Nederland een meldplicht groep C ingevoerd voor aangetoonde CPE. Volgens de meldingscriteria dient er een melding gedaan te worden indien bij een persoon voor het eerst kolonisatie of infectie met een CPE wordt vastgesteld, of wanneer er sprake is van een herhaalde vaststelling van kolonisatie of infectie met een CPE bij een persoon bij wie al meer dan 1 jaar geen CPE werd vastgesteld, of die tweemaal opeenvolgend negatief is getest voor CPE (met een interval van minimaal 24 uur zonder antibioticagebruik voorafgaand aan de kweken). Door de meldingsplicht hebben de GGD-en nu een rol gekregen bij de bron- en contactopsporing en bestrijding van CPE wanneer verspreiding

plaatsvindt buiten of tussen zorginstellingen. Bij elke melding wordt aanvullende epidemiologische informatie opgehaald over onder andere persoons- en mogelijke ziektekenmerken en risicofactoren voor CPE-dragerschap.

In de verdiepende surveillance wordt Nederlandse medisch microbiologische laboratoria gevraagd om alle CPE-verdachte kweken in te sturen naar het RIVM, waar aanvullende moleculaire typering plaatsvindt. In 2019 werden 363 CPE-isolaten ontvangen van 316 personen. Dat is meer dan in de voorgaande jaren (310 in 2018 en 234 in 2017). Ongeveer 30% was afkomstig uit materiaal behorend bij een infectie met CPE, de rest was afkomstig uit screeningskweken. De belangrijkste bekende risicofactor voor infectie of dragerschap met CPE was recente opname in een buitenlands ziekenhuis (40%). Bij ruim een derde (38%) van de personen bij wie een CPE was gevonden was echter geen risicofactor bekend.

In 2019 werd 2 keer een nieuwe uitbraak van CPE gemeld in het Signaleringsoverleg zorginfecties en AMR (SO-ZI/AMR); beide keren betrof het *Klebsiella pneumoniae* met het OXA-48-gen. Daarnaast speelden er nog 2 uitbraken die reeds waren begonnen vóór 2019, maar die in 2019 werden afgesloten, namelijk een uitbraak met *Citrobacter freundii* met het NDM-5-gen en een met *K. pneumoniae* NDM-1- en OXA-232-positief. Alle uitbraken vonden plaats in een ziekenhuis. Bij 3 uitbraken bleef de verspreiding beperkt tot enkele patiënten en was de uitbraak snel onder controle. Bij de uitbraak met *C. freundii* was er sprake van langdurige verspreiding en deze kon pas tot stilstand worden gebracht na zeer uitgebreide maatregelen o.a. met betrekking tot het gecontamineerde rioolstelsel.

In augustus 2019 werd door de Duitse gezondheidsautoriteiten melding gedaan van een uitbraak met een uitgebreid antibioticaresistente *K. pneumoniae* in het noordoosten van het land (Mecklenburg-Vorpommern) [33]. Deze stam, van het sequentie type 307, droeg de twee carbapenemasegenen OXA-48 en NDM-1 en was fenotypisch resistent tegen vrijwel alle gebruikelijke antibiotica evenals tegen colistine. De colistineresistentie werd niet veroorzaakt door een mobiel gen (mcr), maar waarschijnlijk door mutaties in het bacteriële chromosoom. Tussen juni en september 2019 werden er in Duitsland 17 patiënten gemeld uit 3 ziekenhuizen en een revalidatiecentrum. Bij 6 personen was sprake van een infectie en bij de overige personen kolonisatie. Er waren epidemiologische links tussen de patiënten en overdracht van mens-op-mens leek waarschijnlijk, zonder dat duidelijk is geworden wat de primaire bron van besmetting was. Er zijn uitgebreide maatregelen getroffen om verdere verspreiding te voorkomen.

Aanvullend onderzoek door ECDC liet zien dat de betreffende uitbraakstam eenmaal eerder in Finland was aangetoond bij een patiënt die voorheen in een ziekenhuis in Rusland opgenomen was geweest. Er kon geen epidemiologische link worden aangetoond tussen deze patiënt en de uitbraak in Duitsland [34].

In de Nederlandse verdiepende CPE-surveillance via Type-Ned zijn sinds 2014 15 patiënten gerapporteerd bij wie *K. pneumoniae* met OXA-48 en NDM-1 werd vastgesteld. Geen van deze bleek op basis van resultaten van WGS gerelateerd aan de uitbraakstam in Duitsland. De 15 Nederlandse isolaten waren onderling divers met een genetische clustering van twee van de isolaten, waarbij er geen epidemiologische link tussen de patiënten bekend was. Van tien patiënten was aanvullende epidemiologische informatie beschikbaar. Bij één van hen ging het om een infectie en bij de overige patiënten om kolonisatie met de betreffende stam. Negen van deze patiënten waren korter dan twee maanden geleden opgenomen geweest in een buitenlands ziekenhuis.

Vroege detectie van dergelijke stammen zoals gevonden in de uitbraak in Duitsland is cruciaal om verdere verspreiding te voorkomen. Surveillance en internationale uitwisseling van gegevens van WGS spelen hierbij een belangrijke rol en kunnen een bijdrage leveren aan adequate controlemaatregelen.

Uitbraakmeldingen Signaleringsoverleg zorginfecties & AMR

Het SO-ZI/AMR is een overlegstructuur om uitbraken van antibioticaresistente micro-organismen in ziekenhuizen die een potentieel gevaar zijn voor de volksgezondheid (snel) op te merken. Sinds 2012 melden ziekenhuizen uitbraken van resistente bacteriën en bepaalde andere verwekkers wanneer de uitbraak de continuïteit van zorg in gevaar brengt, bijvoorbeeld doordat een afdeling gesloten moet worden, of wanneer ondanks ingestelde infectiepreventiemaatregelen de bacterie zich blijft verspreiden en nieuwe besmettingen optreden. Sinds enkele jaren melden ook andere zorginstellingen, zoals verpleeghuizen.

In 2019 werden 59 uitbraken gemeld; waarvan 38 door ziekenhuizen, 20 door verpleeghuizen en 1 door een klinische instelling anders dan een ziekenhuis.

Tabel 2.2. Uitbraakmeldingen aan SO-ZI/AMR in 2019.

Micro-organisme (resistentiemechanisme)	N (%)
Methiciline-resistente <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA)	26 (44)
Vancomycine-resistente <i>Enterococcus faecium</i> (VRE)*	19 (32)
Norovirus	4 (7)
Carbapenemase-producerende <i>Klebsiella pneumoniae</i>	2 (3)
ESBL-producerende <i>Klebsiella pneumoniae</i>	2 (3)
<i>Serratia marcescens</i>	2 (3)
Carbapenemase-producerende <i>Pseudomonas aeruginosa</i>	1 (2)
ESBL-producerende <i>Escherichia coli</i>	1 (2)
ESBL-producerende <i>Enterobacter cloacae</i>	1 (2)
<i>Clostridium difficile</i>	1 (2)
Totaal	59 (100)

* Sinds 2018 zijn er echter geen landelijke surveillance-data beschikbaar van de moleculaire epidemiologie van VRE in de Nederlandse ziekenhuizen.

2.7 Overige signalen

Lassakoorts

Lassakoorts is een virale hemorragische koorts die vooral voorkomt in West-Afrika. Het is een zoönose met knaagdieren van het geslacht *Mastomys* (muizen familie) als reservoir.

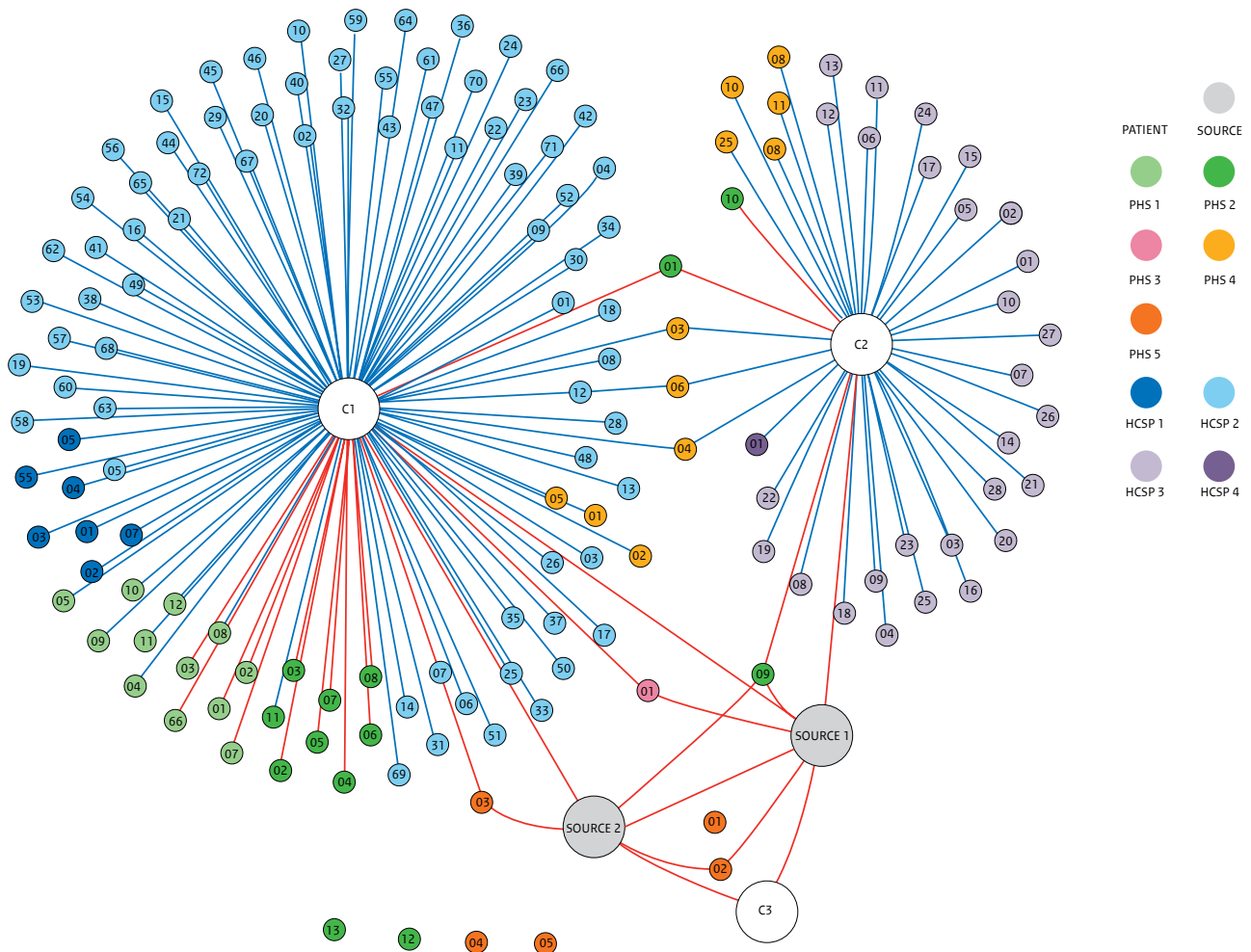
Transmissie vindt vooral plaats door direct of aerogeen contact met urine of ontlasting van deze muizen.

Transmissie van mens op mens is ook mogelijk, welke zich echter lijkt te beperken tot de medische setting. De meeste personen krijgen geen klachten na een besmetting, maar soms kunnen mensen zo ernstige klachten krijgen dat ze overlijden.

Op 20 november 2019 werd in het LUMC bij een Nederlandse tropenarts werkzaam in een ziekenhuis in Sierra Leone lassakoorts vastgesteld. De arts was op 19 november onder medische begeleiding naar Nederland gerepatriëerd [35]. Na snelle klinische achteruitgang overleed de arts enkele dagen later in het LUMC. Bij een tweede Nederlandse tropenarts werd op 21 november na repatriëring eveneens lassakoorts bevestigd [35].

et ziekenhuis in Sierra Leone zijn zij en een lokale hulpverlener waarschijnlijk tijdens de chirurgische behandeling van twee zwangere patiënten besmet geraakt. Beiden patiënten (niet diagnostisch bevestigd) zijn later overleden aan bloedingen. Naar aanleiding van deze twee importgevallen is contactmonitoring uitgevoerd bij 150 contacten (Figuur 2.11) [36]. Eén hoog-risico en één laag-risico contact hebben in hun monitoringsperiode koorts ontwikkeld waarbij aanvullende diagnostiek heeft plaatsgevonden maar geen lassavirusinfectie kon worden aangetoond [36]. Import van lassakoorts komt in Nederland zeer zelden voor. In het jaar 2000 zijn 4 importgevallen van lassakoorts afkomstig uit West-Afrika gerapporteerd in Europa, waarvan 1 in Nederland [37]. Daarvoor betrof de laatst gerapporteerde klinische casus in Nederland een patiënt uit Burkina Faso in 1980. In Europa was er in 2016 voor het laatst een melding van lassakoorts bij een reiziger vanuit Sierra Leone naar Duitsland.

Figuur 2.11. Hoog- en laag-risico contacten in Nederland van de patiënten welke als bron bestempeld zijn en van de twee Nederlandse zorgmedewerkers met een vastgestelde lassakoorts opgelopen in Sierra Leone. (December 2019, aantal contacten 150).



De twee Nederlandse zorgmedewerkers worden weergegeven door C1 en C2. Ambulance en ander zorgpersoneel, buiten het ziekenhuis, zijn de cirkels met PHS. Contacten met ziekenhuispersoneel worden weergegeven door de cirkels met HCSP. Voor meer details en uitleg over het contactonderzoek, zie Overbosch et al. [36]).

Hyalomma teken in Nederland

Van begin juli tot en met eind september 2019 zijn op verschillende locaties in Nederland elf volwassen *Hyalomma*-teken (*Hyalomma marginatum*) gevonden, waarvan vijf in Drenthe, twee in zowel Gelderland en Friesland, en één teek in respectievelijk Flevoland en Noord-Brabant. Negen teken werden gevonden op paarden met weidegang en twee teken werd gevonden op een persoon. Het meest typische kenmerk van *Hyalomma*-teken zijn de gestreepte pootjes. Daarnaast zijn ze een stuk groter (2-3x) dan de Nederlandse schapenteek (*Ixodes ricinus*).

In Duitsland is de vondst van adulte *Hyalomma*-teken in 2018 en 2019 gemeld en gepubliceerd [38, 39].

Deze bevinding heeft vermoedelijk bijgedragen aan een vergrote alertheid in Nederland. *Hyalomma* larven en nimfen (onvolwassen stadia) kunnen via trekvogels in Nederland terecht komen en vervolgens vervellen tot volwassen stadium (adult). De vondst van de adulten in 2019 is niet uniek, aangezien er eerder ook volwassen *Hyalomma* teken in Nederland en omliggende landen gemeld zijn [40].

Hyalomma-teken zijn vectoren voor enkele infectieziekten van mensen, paarden en runderen, waaronder het Krim-Congovirus. Dit virus komt momenteel voor in Zuidoost Europa, Spanje, delen van Rusland, maar ook in Afrika en Azië. In Europa zijn in 2018 acht patiënten met autochtone Krim Congo hemorrhagische koorts gemeld, waarvan 6 in Bulgarije, 1 in Griekenland en 1 in Spanje [34]. Indien een (mogelijke) *Hyalomma* teek (reuzenteek) gevonden wordt, wordt aangeraden deze zo snel mogelijk met een pincet of tektang te verwijderen en deze (in de koelkast) te bewaren. Het Centrum Monitoring van Vectoren (CMV) van de NVWA ontvangt vervolgens graag een melding van de vondst [via de website van de NVWA](#). Duidelijke foto's kunnen ook direct gemaïld worden naar cmv@minlnv.nl. De teek kan vervolgens verstuurd worden in een droge flessendop omhuld in vershoudfolie of in een klein leeg (medicijn)potje. Negen van de elf gevonden Hyalomma-teken in 2019 zijn door het RIVM verder onderzocht en er is geen Krim-Congovirus aangetroffen. Wel is in één van de negen geteste teken *Rickettsia aeschlimanii* aangetroffen. In gebieden waar de Hyalomma-teek van nature voorkomt, wordt ziekte veroorzaakt door *R. aeschlimanii* ('spotted fever') zeer incidenteel gediagnosticeerd, hoewel er waarschijnlijk sprake is van onderrapportage. Op dit moment wordt het risico om een ziekte op te lopen door Hyalomma-teken in Nederland ingeschat als zeer klein. In Duitsland is in 2019 door de universiteit van Hohenheim één vermoedelijke patiënt met rickettsiose door *R. aeschlimanii* beschreven na de beet van een Hyalomma-teek [41].

2.8 Buitenlandse signalen

Zika cluster in Frankrijk

In oktober 2019 werden in Hyères (departement Var, Frankrijk) de eerste 3 patiënten in Europa met autochtone, vector-overgedragen, zikavirusinfectie gemeld. De personen waren woonachtig in dezelfde woonwijk en werden enkele dagen na elkaar ziek, wat duidt op dezelfde transmissiecyclus. Het is bekend dat de tijgermug (*Aedes albopictus*) in Hyères gevestigd is sinds 2009 [42-44]. Muggenbestrijding vond plaats om verdere transmissie te voorkomen. Een importcasus die mogelijk de bron is van deze autochtone infecties was niet in beeld. Voor zover bekend is dit de eerste keer in Europa dat vector-overdraagbare transmissie van zikavirus is gedocumenteerd. Wereldwijd was er in 2019 sprake van relatief geringe transmissie van zikavirus.

Autochtone Dengue

Vanuit Spanje en Frankrijk werden in 2019 enkele patiënten gemeld met autochtone dengue (2 uit Spanje en 9 uit Frankrijk). Sporadische gevallen of kleine

clusters van autochtone dengue in het Middellandse Zeegebied en zuidelijke delen van EU/EER-landen zijn in de lente, zomer en herfst niet onverwacht, omdat de Aziatische tijgermug (*Aedes albopictus*) in het gebied gevestigd en actief is. De kans op permanente transmissie van het denguevirus is echter zeer laag, vanwege de lage aantallen actieve *Aedes albopictus* in de winter. Autochtone denguegevallen zijn eerder gedocumenteerd in Zuid-Frankrijk (in 2010, 2013, 2014, 2015 en 2018) en Spanje (in 2018). De Spaanse autoriteiten meldden een geval van mogelijke seksuele transmissie van dengue tussen 2 MSM mannen. Het ECDC schat het risico op seksuele transmissie van dengue als extreem laag, zowel voor heteroseksuelen als voor MSM [45]. In 2019 was er in meerdere landen wereldwijd sprake van een toename van het aantal patiënten met dengue, vergeleken met 2018 [46]. De meeste patiënten werden gemeld vanuit Brazilië, Mexico, Nicaragua, de Filipijnen en Maleisië. In La Réunion – een Frans overzees eiland in de Indische Oceaan – was er sprake van een grote uitbraak van dengue [47, 48].

Ebola uitbraak in de Democratische Republiek Congo (DRC)

In juli 2019 verklaarde de Wereldgezondheidsorganisatie (WHO) de tiende Ebola-uitbraak in de DRC tot Public Health Emergency of International Concern (PHEIC). De Emergency Committee besloot hiertoe vanwege bijna een jaar voortduren van de uitbraak, het doorlopend detecteren van nieuwe Ebola patiënten in nieuwe gebieden of gebieden die eerder Ebolavrij waren en vanwege de detectie van patiënten buiten de uitbraakregio. De uitbraak werd op 1 augustus 2018 vastgesteld in de regio's Mangina en Beni in de oostelijke provincie Noord-Kivu, dicht bij de grens met Oeganda. Op 25 juni 2020 werd de uitbraak beëindigd verklaard door de WHO na een periode van 42 dagen waarbij geen nieuwe patiënten met Ebola werden vastgesteld. Deze uitbraak van Ebolavirus was de één na grootste uitbraak wereldwijd waarbij 3.470 patiënten zijn vastgesteld, waarvan 2.287 personen zijn overleden (case fatality ratio 66%). In het totaal zijn tijdens de uitbraak respons 250.000 contacten geregistreerd, 220.000 monsters getest en 303.000 personen gevaccineerd met het rVSV-ZEBOV-GP vaccin.

3

Ziektelast van infectieziekten in Nederland

Het uitdrukken van ziektelast in één enkele maat, maakt het mogelijk het gezondheidsverlies en sterfte door verschillende ziekten met elkaar te vergelijken. Een dergelijke vergelijking is van belang voor het prioriteren van beleid en middelen ter bestrijding van (infectie) ziekten. Een veelgebruikte maat voor ziektelast is de DALY: disability-adjusted life year. Ziektelast in DALY is een optelsom van verloren gezonde levensjaren door ziekte en invaliditeit ('years lived with disability': YLD) en vroegtijdige sterfte ('years of life lost': YLL). In dit hoofdstuk worden ziektelastschattingen in DALY gepresenteerd voor 40 infectieziekten in Nederland. Een omschrijving van de gebruikte methoden zijn te vinden in eerdere jaargangen van de Staat van Infectieziekten.

3.1 Ziektelast van infectieziekten in Nederland, 2015-2019

De ziektelast die in dit hoofdstuk gepresenteerd wordt, is geschat voor infecties die hebben plaatsgevonden in 2015, 2016, 2017, 2018 en 2019. Voor influenza wordt het gehele winterseizoen 2019-2020 meegenomen. Voor

chlamydia, gonorrhoe, syfilis, en hiv waren nog geen betrouwbare gegevens beschikbaar over 2019. De ziektelast voor deze infecties wordt daarom tot en met 2018 gerapporteerd. De ziektelast van influenza is geschat per winterseizoen (week 40 tot week 20), van 2015-2016 tot en met 2019-2020. De ziektelast van COVID-19 is geschat op basis van de eerste golf van 2020 (week 10 tot week 26) De schattingen met betrekking tot de ziektelast van COVID-19 worden niet hieronder gepresenteerd, maar in een apart hoofdstuk (zie hoofdstuk 3.2).

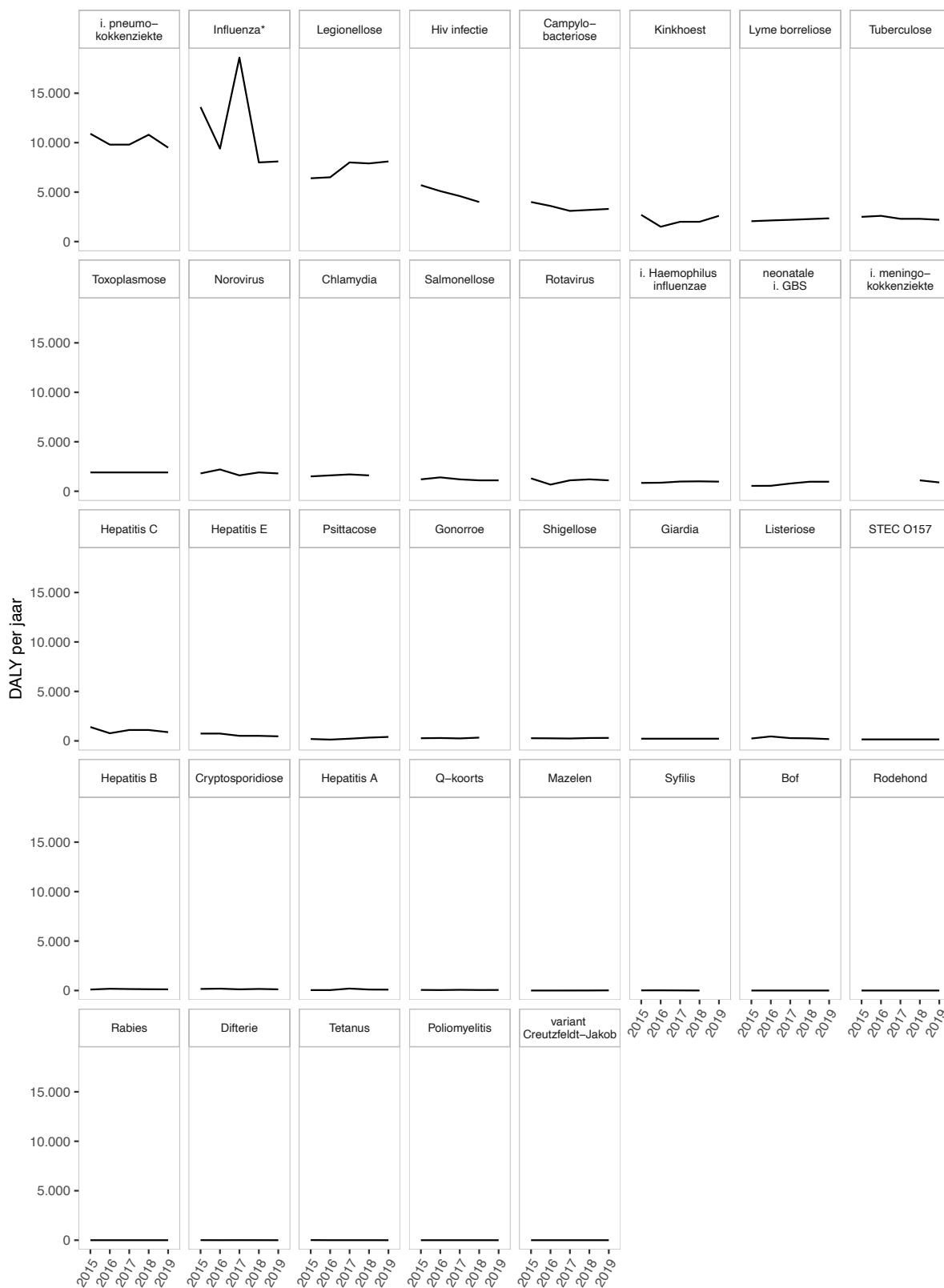
De ziektelast door ingestie van de toxine-producerende bacteriën *S. aureus*, *B. cereus* en *C. perfringens* is dit jaar niet geschat, omdat er geen trend informatie op basis van surveillance bekend is.

Figuur 3.1 toont de geschatte ziektelast voor 37 infectieziekten in DALY per jaar in Nederland, van 2015 tot en met 2019. Tabel 3.1 bevat de geschatte DALY per jaar met 95% onzekerheidsintervallen, en de DALY per 100 infecties. DALY per 100 infecties is een maat van de ernst van de ziekte voor de individuele patiënt. Figuur 3.2 toont de gemiddelde ziektelast per jaar in de periode 2014-2018 waarbij de infectieziekten gerangschikt zijn op hoogte

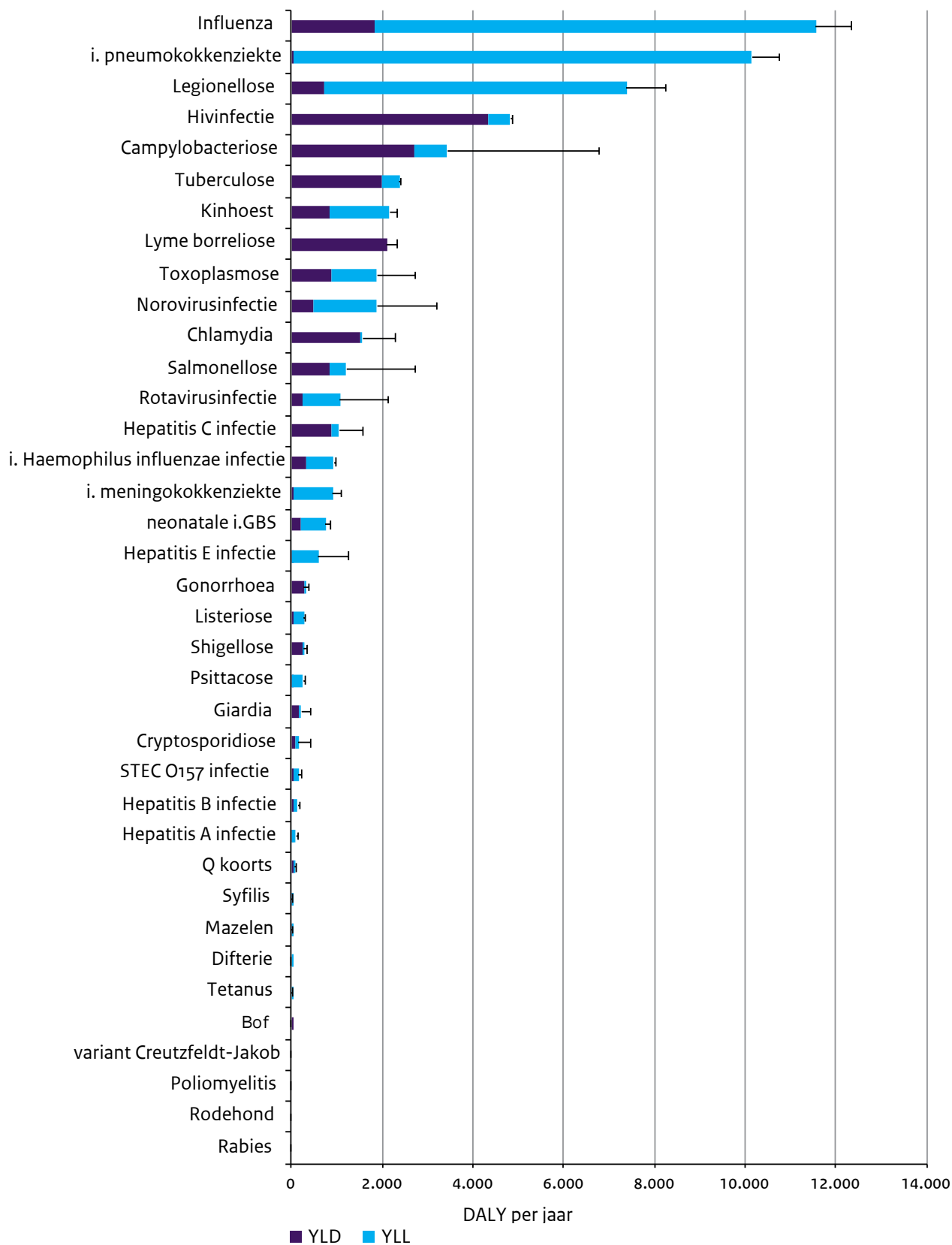
van de ziektelast in het jaar 2019. Figuur 3.3 geeft een overzicht van DALY per jaar versus DALY per 100 infecties, de grootte van de cirkels is proportioneel aan de geschatte incidentie van de infectieziekte.

Vergeleken met de ziektelastschattingen gepresenteerd in de Staat van Infectieziekten in Nederland, 2018 zijn er geen grote veranderingen zichtbaar. De top 3 van infectieziekten met de hoogste ziektelast is in 2019 onveranderd vergeleken met de top drie in 2018. Dit betreft invasieve pneumokokkenziekte, influenza, en legionellose. In Figuur 3.1 is zichtbaar dat de ziektelast van influenza sterk varieert over de jaren. De griepepidemie 2018-2019 duurde weliswaar lang maar de incidentie was lager dan voorgaande jaren, waardoor de ziektelast van influenza een stuk lager uit viel. De griepepidemie van 2019/2020 was erg kort en mild, en qua ziektelast vergelijkbaar met seizoen 2018/2019. De incidentie en daarmee ook de ziektelast van legionellose is afgelopen jaar wat toegenomen, al is de toename niet substantieel

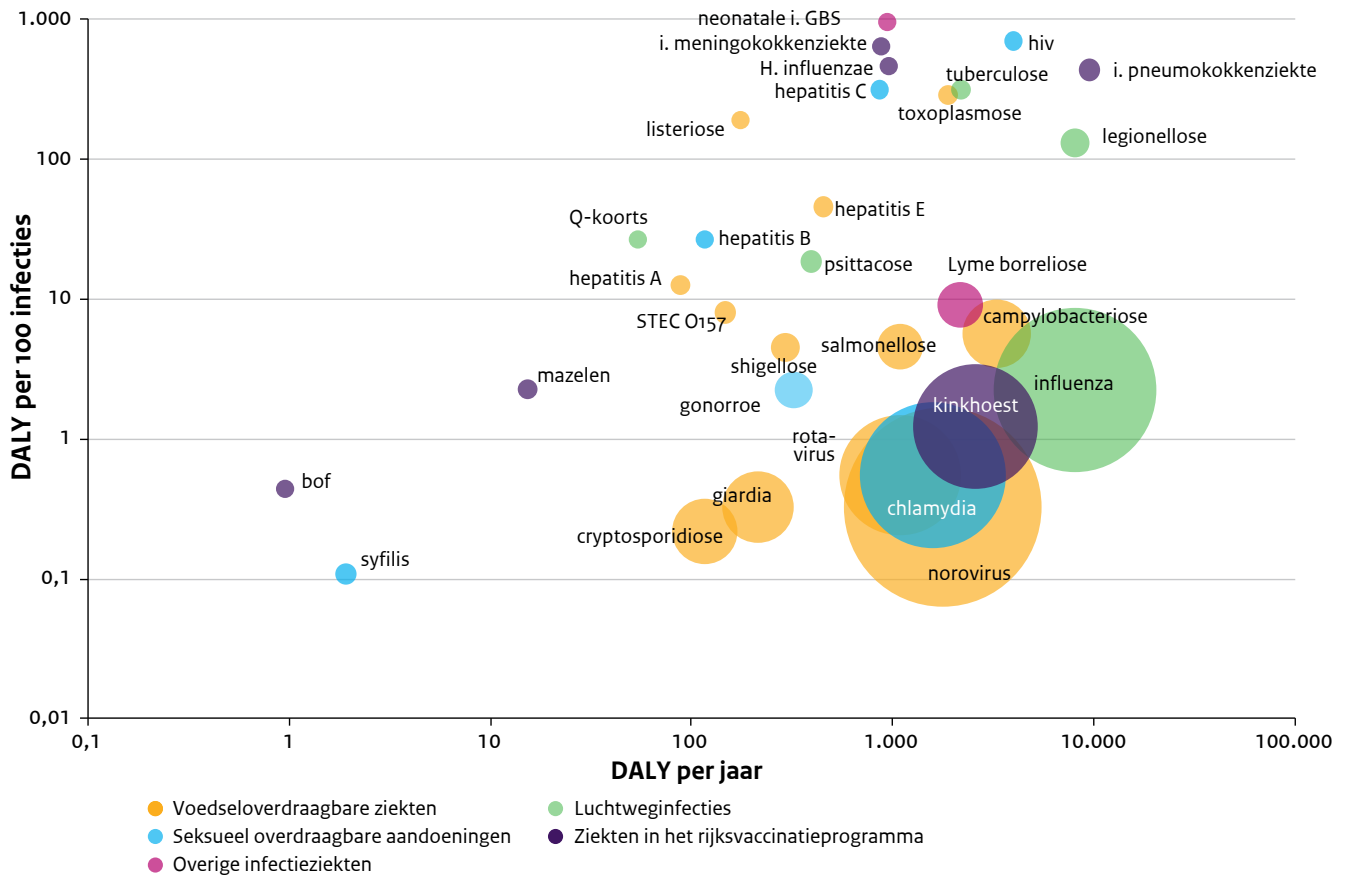
Figuur 3.1 Jaarlijkse ziektelast in DALY, toegeschreven aan infecties in Nederland, in de periode 2015-2019 (2015-2018 voor chlamydia, gonorrhoe, HIV en syfilis). *: de influenza ziektelast is geschat per winterseizoen (week 40 tot en met week 20), van seizoenen 2015-2016 tot en met 2019-2020.



Figuur 3.2. Gemiddelde jaarlijkse ziektelast in DALY in Nederland in de periode 2015-2019 (2015-2018 voor chlamydia, gonorrhoe, hiv en syfilis, 2015/2016 – 2019/2020 voor influenza), uitgesplitst in YLD en YLL.



Figuur 3.3 Ziekte­last van infectieziekten op populatieniveau (DALY per jaar) en patiënt niveau (DALY per 100 infecties) in 2019 (2018 voor chlamydia, gonorrhoe en syfilis). De oppervlakte van de cirkel is proportioneel aan het aantal infecties. Beide assen zijn op logaritmische schaal.



Tabel 3.1 Geschatte jaarlijkse ziektelast in DALY (met 95% onzekerheidsintervallen) in Nederland voor 2015-2019, per ziektecategorie, op volgorde van ziektelast in de meest recente schatting, en DALY per 100 infecties in de meest recente schatting. N.v.t.: niet van toepassing, vanwege geen infecties in 2019.

Ziekte	DALY (95% onzekerheidsinterval)					DALY / 100 infecties ^a
	2015	2016	2017	2018	2019	
Voedseloverdraagbare ziekten						
Campylobacteriose	4.000 (2.200-7.900)	3.600 (2.000-7.000)	3.100 (1.700-6.000)	3.200 (1.700-6.400)	3.300 (1.800-6.500)	5 (3-9)
Toxoplasmose ^b	1.900 (1.300-2.800)	1.900 (1.300-2.800)	1.900 (1.300-2.800)	1.900 (1.300-2.700)	1.900 (1.200-2.700)	240 (180-370)
Norovirus infectie	1.800 (960-3.000)	2.200 (1.200-3.800)	1.600 (840-2.800)	1.900 (1.000-3.300)	1.800 (960-3.200)	0,3 (0,2-0,5)
Salmonellose	1.200 (550-2.700)	1.400 (640-3.200)	1.200 (600-2.700)	1.100 (510-2.600)	1.100 (500-2.500)	4 (3-11)
Rotavirus infectie	1.300 (520-2.500)	670 (280-1.300)	1.100 (440-2.200)	1.200 (470-2.400)	1.100 (440-2.300)	0,5 (0,3-1)
Hepatitis E	740 (250-1.600)	740 (250-1.600)	510 (170-1.100)	510 (170-1.100)	460 (150-970)	39 (15-76)
Listeriose	240 (230-250)	450 (430-470)	280 (270-280)	260 (240-290)	180 (160-200)	160 (140-170)
Shigellose	270 (220-330)	260 (210-310)	240 (190-300)	290 (230-350)	300 (240-370)	4 (3-4)
Giardiasis ^b	220 (130-420)	220 (120-410)	220 (120-410)	220 (120-410)	220 (120-410)	0,3 (0,2-0,4)
Cryptosporidiose	160 (49-470)	190 (57-550)	120 (38-350)	160 (49-470)	120 (39-360)	0,2 (0,1-0,4)
STEC O157 infectie ^b	150 (100-240)	150 (100-240)	150 (100-240)	150 (100-230)	150 (100-240)	7 (2-69)
Hepatitis A	43 (27-72)	44 (27-73)	200 (120-340)	100 (62-170)	90 (55-150)	11 (8-15)
variant Creutzfeldt-Jakob	0 (0-0)	0 (0-0)	0 (0-0)	0 (0-0)	0 (0-0)	n.v.t.
Luchtweginfecties						
Influenza	13.600 (12.800-14.500)	9.400 (8.600-10.200)	18.600 (17.500-19.700)	8.000 (7.400-8.700)	8.100 (7.600-8.700)	2 (2-2)
Legionellose	6.400 (5.700-7.200)	6.500 (5.800-7.300)	8000 (7200-9000)	7.900 (7.100-8.900)	8.100 (7300-9.000)	110 (100-120)
Tuberculose	2.500 (2.400-2.500)	2.600 (2500-2600)	2.300 (2300-2400)	2.300 (2.300-2.400)	2.200 (2.200-2.200)	260 (250-260)
Psittacose	190 (140-260)	130 (96-170)	220 (170-280)	330 (250-430)	400 (300-510)	16 (13-19)
Q koorts	62 (52-72)	46 (36-56)	72 (60-86)	52 (43-61)	56 (46-66)	23 (19-27)
Seksueel overdraagbare aandoeningen						
Hivinfectie	5.700 (5.600-5.700)	5.100 (5.000-5.100)	4.600 (4.600-4.700)	4.000 (3.900-4.000)		560 (560-570)

Ziekte	DALY (95% onzekerheidsinterval)					DALY / 100 infecties ^a
	2015	2016	2017	2018	2019	
Chlamydia	1.500 (980-2.100)	1.600 (1.100-2.300)	1.700 (1.100-2.500)	1.600 (1.200-2.200)		0,5 (0,4-0,7)
Hepatitis C	1.400 (880-2.200)	770 (480-1.200)	1.100 (700-1.700)	1.100 (660-1.700)	880 (550-1.300)	260 (160-380)
Gonorrhoe	270 (190-380)	290 (200-400)	250 (180-350)	330 (230-470)		2 (1-2)
Hepatitis B	100 (95-110)	180 (170-190)	150 (140-160)	130 (120-140)	120 (110-120)	23 (21-23)
Syfilis	15 (12-18)	19 (15-23)	11 (7-18)	2 (2-3)		0,1 (0,1-0,1)
Ziekten in het rijksvaccinatieprogramma						
invasieve pneumo- kokken-ziekte	10.900 (10.200-11.500)	9800 (9.200-10.500)	9800 (9.200-10.400)	10800 (10.100-11.400)	9500 (8.900-10.100)	360 (340-380)
Kinkhoest	2.700 (2.500-2.900)	1.500 (1.400-1.600)	2.000 (1.900-2.200)	2.000 (1.900-2.100)	2.600 (2.500-2.800)	1,1 (1-1,1)
Invasieve H. influ- enzae infectie	840 (800-890)	860 (800-910)	980 (930-1000)	1000 (960-1100)	970 (920-1000)	380 (360-400)
Invasieve meningo- kokken-ziekte	560 (440-700)	880 (730-1.000)	1.100 (970-1.300)	1.100 (970-1.300)	890 (740-1.100)	530 (490-580)
Mazelen	1 (1-1)	1 (1-1)	3 (2-3)	5 (4-5)	16 (15-18)	2 (2-2)
Difterie	4 (3-5)	2 (2-3)	4 (3-4)	3 (3-4)	0 (0-0)	n.v.t.
Tetanus	9 (7-10)	2 (2-2)	0,6 (0,5-0,8)	1 (1-1)	0 (0-0)	n.v.t.
Bof	0,7 (0,6-0,7)	0,5 (0,5-0,6)	0,4 (0,3-0,4)	0,6 (0,5-0,6)	1 (1-1)	0,4 (0,4-0,4)
Rodehond	0,1 (0-0,1)	0 (0-0)	0 (0-0)	0 (0-0)	0 (0-0)	n.v.t.
Rabiës	0 (0-0)	0 (0-0)	0 (0-0)	0 (0-0)	0 (0-0)	n.v.t.
Poliomyelitis	0 (0-0)	0 (0-0)	0 (0-0)	0 (0-0)	0 (0-0)	n.v.t.
Overige infectieziekten						
Lyme borreliose ^b			2.000 (1.800-2.200)			8 (7-9)
Neonatale inva- sieve GBS infectie	540 (450-630)	550 (450-630)	780 (660-900)	960 (800-1.100)	960 (800-1.100)	770 (610-950)

a: Gebaseerd op het aantal infecties dat bijdraagt aan ziektelast. Dit wil zeggen dat asymptomatische acute infecties alleen zijn meegerekend indien deze op lange termijn ziektelast geven. Dit is het geval voor Q koorts, chlamydia, syfilis, gonorrhoe, hepatitis C en hepatitis B.

b: geen jaarlijkse incidentie beschikbaar door het ontbreken van surveillance data.

3.2 Ziekte­last COVID-19 in de eerste golf van 1 maart tot en met 30 juni 2020

G. Lagerweij, P. de Boer, S. McDonald, S. Hahné

In dit hoofdstuk wordt een schatting gemaakt van de ziekte­last van COVID-19 ten gevolge van de eerste golf van infecties in 2020 (1 maart tot en met 30 juni). Doorgaans wordt de ziekte­last van infectieziekten geschat op basis van incidentiegegevens (gecorrigeerd voor onderrapportage), waarbij het aantal kortdurend en langdurig zieke personen, en/of personen die overlijden ten gevolge van de infectieziekten geschat worden door het aannemen van progressiekansen, en wegingsfactoren voor de ernst ('disability weight') en ziekte­duur [1, 49].

Over de epidemiologie en gevolgen van COVID-19 is echter nog onvoldoende bekend om op de bovenstaande manier de ziekte­last te schatten. Ten eerste zijn de progressiekansen van milde naar ernstige ziekte en sterfte nog niet goed bekend. Daarnaast is het nog onduidelijk wat de lange termijn effecten zijn van COVID-19. Informatie hierover ontbreekt zowel voor de personen met milde COVID-19 als voor personen met een ernstiger beloop.

Voor het schatten van de ziekte­last van COVID-19 is een andere methode gebruikt die ook wordt gebruikt voor het berekenen van de ziekte­last van enkele voedselgerelateerde infecties. Deze methode neemt de geregistreerde milde en ernstige ziektegevallen en overlijdens door COVID-19 direct als input voor de berekeningen. Het aantal ernstige ziektegevallen en overlijdens door COVID-19 wordt dus niet geschat door gebruik te maken van progressiekansen.

Hieronder worden twee schattingen gepresenteerd. De eerste schatting geeft de absolute ondergrens van de werkelijke ziekte­last van COVID-19. Hier worden alleen laboratoriumbevestigde infecties en geregistreerde uitkomsten hiervan meegeteld, en wordt de schatting van de totale oversterfte tijdens de eerste golf niet meegenomen. De tweede schatting geeft de orde van grootte van de ziekte­last van COVID-19 op korte termijn na infectie, door te corrigeren voor onderdiagnostiek en door ook de geschatte oversterfte mee te tellen. Beide scenario's worden hieronder in meer details beschreven. Beide COVID-19 ziekte­lastschattingen moeten beschouwd worden in de context van de intelligente lockdown die in Nederland geïmplementeerd werd in medio-maart 2020. Deze lockdown had als doel om de verspreiding van SARS-CoV-2 in te dammen zodat de zorgcapaciteit niet overschreden zou worden. Het effect van de maatregelen was duidelijk zichtbaar in een afname van de incidentie van COVID-19 vanaf week 18.

Zonder de maatregelen zou de COVID-19 ziekte­last een veelvoud zijn van de nu geschatte waardes.

Patiëntgroepen en informatiebronnen

Voor het schatten van de ziekte­last van COVID-19 zijn er drie verschillende groepen van besmette personen gedefinieerd. Hieronder worden deze groepen beschreven en welke informatiebron er gebruikt is om de omvang per groep te schatten (zie ook tabel 3.2).

1. Mild symptomatische personen:
Deze personen zijn kortdurend ziek geweest, ze hebben eventueel medische hulp gezocht bij de huisarts. Deze personen zijn niet opgenomen in een ziekenhuis of overleden.
Het aantal mild symptomatische personen is bepaald door het aantal geregistreerde COVID-19 meldingen bij het RIVM te gebruiken waarvoor niet aangegeven is dat de betreffende patiënte opgenomen en/of overleden is.
2. Opgenomen personen:
Dit betreft een groep van besmette personen welke zijn opgenomen in een ziekenhuis (verpleegafdeling en/of een intensive care (IC)).
Het aantal opgenomen personen op een verpleegafdeling is gebaseerd op het aantal geregistreerde meldingen door Stichting NICE (Nationale Intensive Care Evaluatie) waarbij aangegeven is dat ze zijn opgenomen in het ziekenhuis i.v.m. ernstige COVID-19.
Het aantal opgenomen personen op een IC is gebaseerd op het aantal geregistreerde meldingen door Stichting NICE. Personen die zowel op een verpleegafdeling als op de IC hebben gelegen, worden gezien als IC patiënt. Gemelde personen die na opname zijn overleden worden gezien als overleden persoon (groep 3).
3. Overleden personen:
Dit betreft een groep personen welke overleden zijn ten gevolge van COVID-19. Dit betreft zowel in een ziekenhuis opgenomen als niet-opgenomen personen. Het aantal overleden personen is gebaseerd op het aantal geregistreerde meldingen bij het RIVM waarbij aangegeven is dat de patiënt is overleden door COVID-19.

Tabel 3.2: Inputwaardes voor het aantal gemelde personen

		Bron
Aantal gevallen	Milde ziekte, zonder ziekenhuis opname	Osiris/RIVM
	Ziekenhuis opname (normale afdeling)	NICE [50]
	Intensive Care opname	NICE [50]
	Overleden	Osiris/RIVM

Tabel 3.3: Inputwaardes voor het schatten van de ziektelast

		Puntschatting	Bron
Wegingsfactor voor de ernst van de ziekte ("disability weight")	Milde ziekte, zonder ziekenhuis opname	0,051	Infectious disease: acute episode, moderate [52]
	Ziekenhuis opname (normale afdeling)	0,133	Infectious disease, acute episode, severe [52]
	Intensive Care opname	0,655	Intensive care unit admission [53]
Ziekte duur	Milde ziekte, zonder ziekenhuis opname	10 dagen	WHO [54]
	Ziekenhuis opname (normale afdeling)	18 dagen (= 8 dagen ziekenhuis + 10 dagen milde ziekte-dagen)	NICE [50]
	Intensive Care opname	39 dagen (= 19 dagen IC + 10 dagen ziekenhuis + 10 dagen milde ziekte)	NICE [50]

Inputwaardes

Tabel 3.3 geeft de inputwaardes weer welke gebruikt zijn voor het schatten van de ziektelast. Rij 1-6 geef de wegingsfactor voor de ernst ('disability weight') en de ziekte duur van de verschillende gezondheidstoestanden van COVID-19 besmette mensen weer. Beide waardes zijn noodzakelijk voor het berekenen van verlies van

gezonde levensjaren door invaliditeit (YLD). De verwachte levensverwachting voor iedere leeftijd, berekend door het CBS, is gebruikt voor het schatten van verlies van gezonde levensjaren door vroegtijdige sterfte (YLL) [51]. Meer uitleg over de berekeningen van de YLD en YLL zijn te vinden in eerdere jaargangen van de Staat van Infectieziekten en literatuur [1, 49].

Schatting 1: Ziektelast van COVID-19 op basis van laboratoriumbevestigde gevallen, zonder oversterfte, voor de eerste golf van 1 maart tot en met 30 juni 2020

Tabel 3.4 (kolom 2) presenteert het aantal laboratoriumbevestigde COVID-19 gevallen naar ernst van de ziekte. Kolom 3-5 (Tabel 3.4) presenteert de geschatte waarden voor de YLD, YLL, en DALY, per patiëntgroep. Uit de tabel

is af te lezen dat de ziektelast ten gevolge van vroegtijdig overlijden de grootste impact heeft op de totale ziektelast van COVID-19: 99% van de totale ziektelast wordt veroorzaakt door het vroegtijdig overlijden, 58.300 DALYs van de totale 58.500 DALYs. Als er gekeken wordt naar de totale ziektelast van personen die niet zijn overleden, dan is de totale ziektelast voor de personen opgenomen op een IC het grootste.

Tabel 3.4: COVID-19 ziektelast schattingen van ondergrens (laboratoriumbevestigde gevallen zonder oversterfte), voor de eerste golf van 1 maart tot en met 30 juni 2020

	Aantal	YLD	YLL	DALY
Symptomatische personen (zonder opname en/of overlijden)	34.648	48	0	48
Ziekenhuisopname	11.573	50	0	50
IC opname	2.903	114	0	114
Overleden	6.142	9	58.300	58.300
Totaal		220	58.300	58.500

Tabel 3.5: Corrigerende factoren voor schatting van ziektelast door COVID-19 voor de eerste golf van 1 maart tot en met 30 juni 2020

		Puntschatting (min-max)	Bron
Onderrapportage	Milde ziekte	10 (8-12)	Osiris/NICE [50, 55]
	Ziekenhuisopnames (min-max)	1,10 (1,06-1,18)	NICE [56]
	Intensive Care opname	nvt	NICE [50]

Schatting 2: Ziektelast van COVID-19 over korte termijn na infectie, met correctie voor onderdiagnostiek en inclusief oversterfte, voor de eerste golf van 1 maart tot en met 30 juni 2020

In het begin van de eerste COVID-19 golf was de capaciteit voor laboratoriumonderzoek beperkt. Voor de tweede schatting wordt daarom de ziektelast geschat na correcties voor onderdiagnostiek, en door het meenemen van de schatting van de totale oversterfte tijdens de eerste golf.

Tabel 3.5 presenteert de waarden voor de correcties die er zijn toegepast voor onderdiagnostiek. Dit betreft alle gemelde aantallen behalve de IC opnames, omdat er hiervoor wordt aangenomen dat deze compleet geregistreerd zijn. De compleetheid van het aantal gemelde patiënten met milde COVID-19 is geschat op van 10% [50, 55].

Het gemelde aantal ziekenhuisopnames is waarschijnlijk ook een onderschatting. We hebben de compleetheid van de data geschat op gemiddeld 90% [50, 56].

Ook het aantal gemelde, overleden COVID-19 patiënten is een onderschatting van het daadwerkelijk aantal. Daarom wordt in dit scenario de totale oversterfte meegenomen in de periode 1 maart 2020 tot en met 30 juni 2020 [57, 58].

Tabel 3.6 presenteert de resultaten voor het geschat aantal zieke personen, waarbij er gecorrigeerd is voor onderrapportage. Kolom 3-5 (Tabel 3.6) presenteert de geschatte waarden voor de YLD, YLL, en DALY, per patiëntgroep. De totale ziektelast van COVID-19 wordt voor 99% veroorzaakt door vroegtijdig overlijden van zieke personen (87.200 DALYs van de totale 87.900 DALYs). Als er gekeken wordt naar de totale ziektelast van personen die niet zijn overleden, dan is de ziektelast in verband met milde SARS-CoV-2 infecties het grootst.

Tabel 3.6: COVID-19 ziektelast schattingen na correctie voor onderdiagnostiek en inclusief oversterfte over korte termijn na infectie voor de eerste golf van 1 maart tot en met 30 juni 2020.

	Incidentie	YLD	YLL	DALY
Symptomatisch, zonder ziekenhuisopname	346.600	480	0	480
Ziekenhuisopname	12.900	56	0	56
IC opname	2.903	114	0	114
Overleden	9.900	14	87.200	87.200
Totaal		670	87.200	87.900

* PI: percentiel interval

(Door afronding van de getallen kunnen er eventueel discrepanties optreden in de totalen.)

Discussie

In bovenstaande paragraaf zijn een tweetal schattingen van de ziektelast van COVID-19 gepresenteerd. Beide schattingen moeten geïnterpreteerd worden in de context van de landelijke maatregelen (de intelligente lockdown) die medio maart 2020 geïmplementeerd werden, en welke de ziektelast van COVID-19 in sterke mate beperkt hebben.

De ondergrens van de ziektelast van COVID-19 tijdens de eerste golf, waarbij alleen laboratoriumbevestigde gevallen worden meegenomen, is geschat op bijna 58.500 DALYs. De ziektelast door COVID-19 in de eerste golf zal hoger zijn dan deze ondergrens, omdat tijdens de eerste golf een minderheid van de patiënten met symptomen die lijken op COVID-19 zijn getest op het SARS-CoV-2 virus. Wanneer hiervoor wordt gecorrigeerd, en ook de totale oversterfte tussen maart en met juni 2020 meegenomen wordt, neemt het aantal DALYs toe van bijna 58.500 naar 87.900 DALYs voor de ziektelast op korte termijn na infectie. 99% van deze ziektelast is toe te schrijven aan overlijdensgevallen.

Ook het aantal van 87.900 DALYs voor de ziektelast op korte termijn na infectie is een onderschatting van de daadwerkelijke COVID-19 ziektelast ten gevolge van de

eerste golf, omdat ziektelast door lange termijn gevolgen van COVID-19 niet is meegenomen; informatie hierover is nog niet goed beschikbaar. Afhankelijk van de duur en ernst van deze klachten zal de daadwerkelijke ziektelast van COVID-19 verder oplopen.

Ziektelast COVID-19 versus ziektelast overige infectieziekten

In de afgelopen vijf jaar was influenza doorgaans de infectieziekte met de hoogste ziektelast in Nederland. De gemiddelde ziektelast per jaar van influenza, berekend over de afgelopen vijf jaar, was gemiddeld 12.000 DALYs, waarbij het seizoen van 2017/2018 een uitschieter was met een ziektelast van 18.600 DALYs.

De geschatte ondergrens voor ziektelast van de laboratoriumbevestigde COVID-19 tijdens de eerste golf in 2020 is dus ruim vier keer zo hoog als die van een typisch influenza seizoen, en drie keer zo hoog als het zwaarste influenza seizoen van de afgelopen vijf jaar. De meer realistische schatting van de ziektelast van COVID-19 over een korte termijn na infectie tijdens de eerste golf, is bijna acht keer hoger dan de gemiddelde jaarlijkse influenza ziektelast ondanks de ingestelde maatregelen.

Appendices

Appendix 1. Meldingsplichtige infectieziekten

Tabel A1.1 toont de aantallen meldingen van meldingsplichtige infectieziekten, van 2012 t/m 2019. Tot en met 2012 werden infectieziektemeldingen ingedeeld op basis van de datum waarop de GGD de melding had ontvangen. Vanaf 2013 worden meldingen ingedeeld op basis van de eerste ziektedag, indien onbekend de datum van diagnose, of indien onbekend de datum waarop de GGD de melding heeft ontvangen. Daardoor kunnen de hier getoonde aantallen afwijken ten opzichte

van eerdere rapporten. De data in deze tabel zijn op 1 april 2020 uit Osiris-AIZ gehaald. Het aantal meldingen kan wijzigen als patiënten later worden gemeld, of meldingen worden gewist na nader onderzoek. Des te meer tijd er is verstreken, des te groter is de kans dat de data compleet zijn en niet meer zullen wijzigen. In enkele gevallen verschillen de cijfers in deze tabel van de cijfers genoemd in de teksten in dit rapport, vanwege het gebruik van verschillende casusdefinities.

Tabel A1.1. aantallen meldingen van infectieziekten in Nederland, 2012-2019.

Groep ¹	Infectieziekte	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019
Groep A	MERS-CoV	-	0 ^a	0	0	0	0	0	0
	Polio	0	0	0	0	0	0	0	0
	Severe Acute Respiratory Syndrome (SARS)	0	0	0	0	0	0	0	0
	Pokken	0	0	0	0	0	0	0	0
	Virale hemorrhagische koorts	0	0	1	0	0	0	0	2
Groep B1	Difterie	1	0	1	5	2	4	1	1
	Humane infectie met een dierlijk influenzavirus	0	0	0	0	1	0	0	0
	Pest	0	0	0	0	0	0	0	0
	Rabiës	0	1	1	0	0	0	0	0
	Tuberculose ²	956	845	814	862	887	783	797	759
Groep B2	Buiktyfus	17	25	20	17	18	20	20	27
	Cholera	3	0	3	1	1	0	2	1
	Clusters van voedselgerelateerde infectie ³	48	36	28	29	29	30	28	23
	Hepatitis A	124	109	106	79	81	372	187	158
	Hepatitis B Acuut	175	146	141	108	114	115	104	101
	Hepatitis B Chronisch	1.321	1.155	1.077	1.012	1.014	1.100	1.020	1.022

Groep ¹	Infectieziekte	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019
	Hepatitis C Acuut	55	65	53	72	49	61	70	46
	Hepatitis C Herinfectie ^f	-	-	-	-	-	-	-	26
	Hepatitis C Chronisch/onbekend ^f	-	-	-	-	-	-	-	619
	Invasieve groep A-streptokokkeninfectie	178	203	149	171	187	293	244	305
	Mazelen	35	2659	140	7	6	16	24	84
	Paratyfus A	25	22	9	6	11	11	18	7
	Paratyfus B	18	14	8	23	29	32	28	27
	Paratyfus C	3	2	0	4	0	3	0	5
	Kinkhoest	13.851	3.491	9.058	6.672	5.590	4.966	4.782	6.281
	Rodehond	1	57	2	1	0	0	0	0
	STEC/enterohemorragische E.coli infectie	906	849	754	754	575	394	487	457
	Shigellose	752	473	360	476	446	427	517	538
Groep C	Antrax	0	0	0	0	0	0	2	0
	Bof	397	205	40	87	71	46	73	131
	Botulisme	2	0	0	0	2	0	0	0
	Brucellose	3	6	1	9	4	2	5	7
	Chikungunya	-	-	61 ^b	24	13	0	0	0
	Carbapenemase-producerende Enterobacteriaceae (CPE) ^g	-	-	-	-	-	-	-	160
	Dengue	-	-	13 ^c	32	13	0	0	0
	Gele koorts	0	0	0	0	0	1	2	0
	Orthohantavirusinfectie	23	4	37	10	31	51	36	47
	Invasieve <i>Haemophilus influenzae</i> type b infectie	22	19	20	18	34	33	40	38
	Invasieve pneumokokkenziekte	43	28	39	43	44	45 ^e	68	61
	Legionellose	308	311	370	438	465	575	591	585
	Leptospirose	44	27	104	86	87	72	50	111
	Listeriose	71	74	92	71	95	113	77	113
	MRSA-infectie (clusters buiten ziekenhuis)	2	11	3	12	5	4	10	4
	Malaria	199	166	285	344	251	211	258	178
	Meningokokkenziekte	106	109	81	95	156	205	202	155
	Psittacose	45	53	41	47	60	52	64	89
	Q-koorts	63	20	26	20	14	22	18	16
	Tetanus	2	1	0	1	1	1	1	0
	Trichinose	0	0	0	0	0	0	0	0
	Tularemie	-	-	-	-	4 ^d	2	2	4
	West-Nijlvirusinfectie	0	0	0	0	1	0	2	0

Groep ¹	Infectieziekte	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019
	Ziekte van Creutzfeldt-Jakob - klassiek	31	30	25	26	30	21	33	30
	Ziekte van Creutzfeldt-Jakob - variant	0	0	0	0	0	0	0	0
	Zikavirus	-	-	-	-	27 ^d	9	4	0

1. Meldingsplichtige infectieziekten in Nederland worden ingedeeld op basis van de mate waarin dwingende maatregelen opgelegd kunnen worden. Zie voor meer informatie: <https://www.rivm.nl/meldingsplicht-infectieziekten>
 2. Deze gegevens zijn aangeleverd vanuit het Nederlands Tuberculose Register (NTR).
 3. Het betreft het aantal clusters (niet het aantal patiënten).
- a. Meldingsplicht ingesteld per 3 juli 2013.
 - b. Meldingsplicht ingesteld per 1 september 2014.
 - c. Meldingsplicht ingesteld per 1 juli 2014.
 - d. Meldingsplicht ingesteld per 1 november 2016.
 - e. Meldingsplicht in 2017 veranderd, van kinderen t/m 5 jaar naar kinderen geboren vanaf 2006.
 - f. Meldingsplicht ingesteld per 1 januari 2019.
 - g. Meldingsplicht ingesteld per 1 juli 2019.

Appendix 2 Surveillance op basis van de virologische weekstaten

In de laboratoriumsurveillance van de virologische weekstaten melden tot 21 medisch microbiologische laboratoria verspreid over het land wekelijks het aantal positieve testuitslagen van een groot aantal

pathogenen, voornamelijk virussen. Deze data worden gebruikt voor de vroege detectie van uitbraken en het monitoren van trends op het gebied van infectieziekten.

Tabel A2.1: Aantal positieve laboratoriumuitslagen zoals gemeld in de virologische weekstaten per jaar, 2012-2019. Peildatum 1 april 2020.

Pathogeen	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019
Virussen								
Adenovirus 40/41	142	141	155	128	141	126	142	138
Adenovirus non-40/41	197	357	226	202	162	144	178	197
Adenovirus niet getypeerd	777	746	887	992	1.309	1.109	1.303	1.329
Astrovirus	55	81	85	95	124	124	193	225
Bocavirus	136	111	107	114	159	177	150	207
Bofvirus	95	65	24	45	43	29	30	61
Chikungunyavirus ^a	-	-	-	-	23	14	12	24
Coronavirus	307	377	318	575	712	708	682	600
Dengue virus	209	123	101	132	182	64	86	252
Enterovirus	1.212	786	1.267	783	1.155	1.424	1.418	1.261
Hantavirus	10	4	47	7	9	26	28	40
Hepatitis A virus	53	38	63	49	65	157	92	110
Hepatitis B virus	1.024	678	633	704	708	755	759	762
Hepatitis C virus	513	386	385	405	338	350	413	357
Hepatitis D virus	7	9	12	13	9	10	13	6
Hepatitis E virus	50	67	205	303	307	210	213	192
Hiv 1	886	739	677	698	684	732	827	751
Hiv 2	2	3	1	3	1	2	0	1

Pathoogeen	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019
hMPV	298	469	385	651	542	629	846	806
HTLV	4	1	2	2	3	2	4	3
Influenza A virus	891	2.333	899	3.195	3.117	3.968	3.092	4.966
Influenza B virus	64	981	47	698	1351	397	5866	34
Influenza C virus	0	1	0	3	0	9	2	0
Mazelenvirus	9	212	55	8	4	10	29	49
Norovirus	2.898	2.866	2.836	2.979	3.770	2.578	3.111	2.909
Parainfluenza type 1	41	138	76	149	55	208	94	291
Parainfluenza type 2	53	74	66	72	108	70	150	102
Parainfluenza type 3	238	291	218	344	411	585	476	610
Parainfluenza type 4	36	76	53	122	65	145	112	190
Parainfluenza niet getypeerd	70	54	19	28	17	60	16	30
Parechovirus	397	187	354	227	298	237	402	276
Parvovirus	216	130	175	123	94	218	203	168
Rhinovirus	1.780	2.049	2.194	2.410	2.589	2.706	2.755	3.313
Rotavirus	1.288	1.496	607	1.323	679	1.047	1.129	1.053
RS-virus	2043	1864	1.456	1.870	2.085	1.509	2.063	1.777
Rubellavirus	15	47	27	16	17	7	16	3
Sapovirus	32	59	129	140	159	151	304	371
West-Nijl virus	0	0	0	0	1	0	2	0
Zikavirusa	-	-	-	-	26	27	12	7
Bacteriën								
<i>Chlamydia psittaci</i>	23	23	16	18	32	15	26	30
<i>Chlamydia pneumoniae</i>	60	27	20	31	19	17	17	21
<i>Chlamydia trachomatis</i>	21.234	20.908	24.218	25.017	27.137	26.950	27.903	29.203
<i>Chlamydia niet getypeerd</i>	5	9	8	28	36	12	10	6
<i>Coxiella burnetii</i>	83	89	130	125	89	65	44	69
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	775	325	436	525	608	400	328	360
<i>Rickettsiae</i>	14	7	12	17	10	15	16	8
Totaal aantal weekrapportages	1.038	987	994	1.068	1.018	967	976	975
Aantal laboratoria dat ≥50 weken rapporteerde	18	16	16	20	17	17	18	18

Afkortingen: Hiv: human immunodeficiency virus; hMPV: humaan metapneumovirus; HTLV: humaan T-cel lymfotroop virus; RS-virus: respiratoir syncytieel virus.

^a Geïncorporeerd in de virologische weekstaten in 2016.

Referenties

1. Bijkerk, P., B. De Gier, D.R.E. Nijsten, J.W. Duijster, et al., *State of Infectious Diseases in the Netherlands*, 2015. Bilthoven: RIVM; 2016. RIVM rapport 2016-0069.
2. De Gier, B., D.R.E. Nijsten, J.W. Duijster, and S.J.M. Hahné, *State of Infectious Diseases in the Netherlands*, 2016. Bilthoven: RIVM; 2017. RIVM rapport 2017-0029.
3. Brandsema, P.S., S.M. Euser, I. Karagiannis, J.W. Den Boer, et al., *Summer increase of Legionnaires' disease 2010 in The Netherlands associated with weather conditions and implications for source finding*. *Epidemiol Infect*, 2014. **142**(11): p. 2360-71.
4. Vermeulen, L.C., P.S. Brandsema, J. van de Kasstelee, B.C.J. Bom, et al., *Mogelijke luchtverspreiding van Legionella door afvalwaterzuiveringsinstallaties: een patiënt-controle onderzoek*. Bilthoven: National Institute for Public Health and the Environment (RIVM); 2019. RIVM report 2019-0195.
5. Vlaanderen, F., T. Cuperus, I. Keur, M. De Rosa, et al., *Staat van Zoönosen 2019*. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM); 2020. RIVM rapport: 2020-0130.
6. Fouchier, R., G. Donker, A. Meijer, W. Van der Hoek, et al., *Influenzaseizoen 2018/2019 in Nederland. Een relatief milde epidemie met twee subtypen A- virussen*. *Nederlands Tijdschrift voor Medische Microbiologie*; 2019, 27(4).
7. Reukers, D.F.M., L. Van Asten, P.S. Brandsema, F. Dijkstra, et al., *Annual report Surveillance of influenza and other respiratory infections in the Netherlands: winter 2017/2018*. Bilthoven: National Institute for Public Health and the Environment (RIVM); 2018. RIVM Report 2018-0049.
8. Reukers, D.F.M., L. Van Asten, P.S. Brandsema, F. Dijkstra, et al., *Surveillance of influenza and other respiratory infections: winter 2018/2019*. Annual report. Bilthoven: National Institute for Public Health and the Environment (RIVM); 2019. RIVM Report 2019-0079.
9. *Griep en griep prik; Feiten en Cijfers*; Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM); 2020. Available from: <https://www.rivm.nl/griep-grieprik/feiten-en-cijfers>.
10. *Annual report Surveillance of influenza and other respiratory infections in the Netherlands: winter 2019/2020*. Bilthoven: National Institute for Public Health and the Environment (RIVM); **Verwachte publicatie in Jan/Feb 2021**.
11. Midgley, S.E., K. Benschop, R. Dyrdak, A. Mirand, et al., *Co-circulation of multiple enterovirus D68 subtypes, including a novel B3 cluster, across Europe in a season of expected low prevalence*, 2019/20. *Euro Surveill*, 2020. **25**(2).
12. Kramer, R., M. Sabatier, T. Wirth, M. Pichon, et al., *Molecular diversity and biennial circulation of enterovirus D68: a systematic screening study in Lyon, France, 2010 to 2016*. *Euro Surveill*, 2018. **23**(37).
13. Messacar, K., K. Pretty, S. Reno, and S.R. Dominguez, *Continued biennial circulation of enterovirus D68 in Colorado*. *J Clin Virol*, 2019. **113**: p. 24-26.
14. Uprety, P., D. Curtis, M. Elkan, J. Fink, et al., *Association of Enterovirus D68 with Acute Flaccid Myelitis, Philadelphia, Pennsylvania, USA, 2009-2018*. *Emerg Infect Dis*, 2019. **25**(9): p. 1676-1682.
15. *Advies Deskundigenberaad Acute Slappe Verlamming door enterovirus-D68 en enterovirus-A71; December 2019*.
16. *World Health Organization (WHO) - Pneumonia of unknown cause – China; Januari 2020*. Available from: <https://www.who.int/csr/don/05-january-2020-pneumonia-of-unknown-cause-china/en/>.
17. *World Health Organization (WHO). Situation report – 39. Coronavirus disease 2019 (COVID-19)*. Geneva: WHO; 28 Feb 2019.; Available from: https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200228-sitrep-39-covid-19.pdf?sfvrsn=5bbf3e7d_4.
18. Reusken, C.B., A. Buiting, C. Bleeker-Rovers, B. Diederik, et al., *Rapid assessment of regional SARS-CoV-2 community transmission through a convenience sample of healthcare workers, the Netherlands, March 2020*. *Euro Surveill*, 2020. **25**(12).
19. *World Health Organization (WHO). Situation report – 47. Coronavirus disease 2019 (COVID-19)*. Geneva: WHO; 7 Mar 2019.; Available from: https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200307-sitrep-47-covid-19.pdf?sfvrsn=27c364a4_4.

20. *Wekelijkse update epidemiologische situatie COVID-19. 2020*; Available from: <https://www.rivm.nl/coronavirus-covid-19/actueel/wekelijkse-update-epidemiologische-situatie-covid-19-in-nederland>.
21. Pijnacker, R., A. Tijmsma, I. Friesema, M. Van der Voort, et al., *Bronopsporing bij een langdurige internationale uitbraak van Salmonella Enteritidis*. *Infectieziekten Bulletin | Jaargang 28 | Nummer 6*; Bilthoven: National Institute for Public Health and the Environment (RIVM); 2017.
22. *Gezondheidsraad; Vaccinatie tegen Meningokokken; 2018; Gezondheidsraad; Den Haag; publicatienummer 2018/28*. Available from: <https://www.gezondheidsraad.nl/documenten/adviezen/2018/12/19/vaccinatie-tegen-meningokokken>.
23. Schurink-van 't Klooster, T.M. and H. De Melker, *The National Immunisation Programme in the Netherlands : Surveillance and developments in 2018-2019*. Bilthoven: National Institute for Public Health and the Environment (RIVM); 2019. RIVM Report 2019-0193.
24. Fröberg, J., N. Van der Maas, and H. De Melker, *Invoering van een kinkhoestvaccinatie voor zwangeren*. *Ned Tijdschr Geneesk*, 2020. **164**(D4630).
25. Schurink-van 't Klooster, T.M. and H.E. De Melker, *The National Immunisation Programme in the Netherlands: Surveillance and developments in 2019-2020*. Bilthoven: National Institute for Public Health and the Environment (RIVM); 2020. RIVM Report 2020-0077.
26. *Gezondheidsraad; Vaccinatie tegen HPV; 2019; Gezondheidsraad; Den Haag; publicatienummer 2019/09*. Available from: <https://www.gezondheidsraad.nl/documenten/adviezen/2019/06/19/vaccinatie-tegen-hpv>.
27. Van Lier, E.A., L. Kamp, P.J. Oomen, H. Giesbers, et al., *Vaccinatiegraad en jaarverslag Rijksvaccinatieprogramma Nederland 2019*, Bilthoven: National Institute for Public Health and the Environment (RIVM); 2020. RIVM Report 2020-0011.
28. *PrEP; RIVM, 2019*. Available from: <https://www.rivm.nl/Soa-seksueel-overdraagbare-aandoening/prep>.
29. *Gezondheidsraad; Preventief gebruik van hiv-remmers; 2018; Gezondheidsraad; Den Haag*. Available from: <https://www.gezondheidsraad.nl/documenten/adviezen/2018/03/27/preventief-gebruik-van-hiv-remmers>.
30. Staritsky, L.E., F. Van Aar, M. Visser, E. Op de Coul, et al., *Sexually transmitted infections in the Netherlands in 2019*. Bilthoven: National Institute for Public Health and the Environment (RIVM); 2020. RIVM Report 2020-0052.
31. David, S., B. Van Benthem, F. Deug, and P. Van Haastrecht, *Nationaal Actieplan soa, hiv en seksuele gezondheid : 2017-2022*. Bilthoven: National Institute for Public Health and the for Public Health and the Environment (RIVM); 2018. RIVM report 2018-0034.
32. de Greeff, S.C., A.F. Schoffelen, and C.M. Verduin, *NethMap 2020: Consumption of antimicrobial agents and antimicrobial resistance among medically important bacteria in the Netherlands in 2019 / MARAN 2020: Monitoring of Antimicrobial Resistance and Antibiotic Usage in Animals in the Netherlands in 2019*. Bilthoven: National Institute for Public Health and the Environment (RIVM); 2020. RIVM Report 2020-0065.
33. ECDC. *Outbreak of carbapenemase-producing (NDM-1 and OXA-48) and colistin-resistant Klebsiella pneumoniae ST307, north-east Germany, 2019*. 2019; Available from: <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/outbreak-Klebsiella-pneumoniae-Germany>
34. ECDC, *Outbreak of carbapenemase-producing (NDM-1 and OXA-48) and colistin-resistant Klebsiella pneumoniae ST307, north-east Germany, 2019*. 2019.
35. ECDC. *Rapid risk assessment: Cases of Lassa fever in the Netherlands ex Sierra Leone*. 2019; Available from: <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/rapid-risk-assessment-cases-lassa-fever-netherlands-ex-sierra-leone>.
36. Overbosch, F., M. de Boer, K.E. Veldkamp, P. Ellerbroek, et al., *Public health response to two imported, epidemiologically related cases of Lassa fever in the Netherlands (ex Sierra Leone), November 2019*. *Euro Surveill*, 2020. **25**(15).
37. *Imported case of Lassa fever in the Netherlands. Emergencies preparedness, response 2000*; Available from: https://www.who.int/csr/don/2000_07_25/en/.
38. Chitimia-Dobler, L., S. Schaper, R. Riess, K. Bitterwolf, et al., *Imported Hyalomma ticks in Germany in 2018*. *Parasit Vectors*, 2019. **12**(1): p. 134.
39. *Universität Hohenheim; Tropische Zecken: Neu eingewanderte Art überwintert erstmals in Deutschland*. 2019.
40. Uiterwijk, M., A. Ibanez-Justicia, H. Sprong, P. Overgaauw, et al., *Hyalomma teken in Nederland*. *Tijdschrift voor diergeneeskunde*; Mei 2020; Project: Hyalomma Ticks.
41. *Universität Hohenheim; Erster Verdachtsfall auf Fleckfieber-Übertragung in Deutschland*. 2019.
42. ECDC. *Rapid risk assessment: Zika virus disease in Var department, France*. 2019; Available from: <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/rapid-risk-assessment-zika-virus-disease-var-department-france>.
43. Sandra Giron, F.F., Anne Decoppet, et al., *Vector-borne transmission of Zika virus in Europe, southern France, August 2019* *Eurosurveillance*, 2019. **24**(45).
44. WHO. *Zika epidemiology update*. 2019; Available from: <https://www.who.int/emergencies/diseases/zika/zika-epidemiology-update-july-2019.pdf?ua=1>.
45. ECDC. *Rapid risk assessment: Sexual transmission of dengue in Spain 2019*; Available from: <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/rapid-risk-assessment-sexual-transmission-dengue-spain>.
46. ECDC, *Geographical distribution of dengue cases reported worldwide*. 2019.

47. ECDC. *Rapid risk assessment: Autochthonous cases of dengue in Spain and France* 2019; Available from: <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/rapid-risk-assessment-autochthonous-cases-dengue-spain-and-france>.
48. ECDC. *CDTR week 3, 12-18 January 2020*. 2020; Available from: <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/communicable-disease-threats-report-12-18-january-2020-week-3.pdf>.
49. Bijkerk, P., E.A. Van Lier, S. McDonald, K. Kardamanidis, et al., *State of Infectious Diseases in the Netherlands*, 2013. Bilthoven: National Institute for Public Health and the Environment (RIVM); 2014. RIVM report 150205001.
50. Stichting Nationale Intensive Care Evaluation (NICE); *COVID-19 op de IC*. 2020; Available from: <https://www.stichting-nice.nl/covid-19-op-de-ic.jsp>.
51. Statistics Netherlands (CBS); *Levensverwachting*. 2020.
52. *Global, regional, and national incidence, prevalence, and years lived with disability for 354 diseases and injuries for 195 countries and territories, 1990-2017: a systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2017*. Lancet, 2018. **392**(10159): p. 1789-1858.
53. Haagsma, J.A., C. Maertens de Noordhout, S. Polinder, T. Vos, et al., *Assessing disability weights based on the responses of 30,660 people from four European countries*. Popul Health Metr, 2015. **13**: p. 10.
54. *Report of the WHO-China Joint Mission on Coronavirus Disease 2019 (COVID-19)* Available from: <https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/who-china-joint-mission-on-covid-19-final-report.pdf>.
55. PIENTER Corona; Bilthoven: National Institute for Public Health and the Environment (RIVM). 2020.
56. Stichting Nationale Intensive Care Evaluation (NICE); *COVID-19 op de verpleegafdeling*. 2020; Available from: <https://www.stichting-nice.nl/covid-19-op-de-zkh.jsp>.
57. *Sterfmonitor Nederland*; Bilthoven: National Institute for Public Health and the Environment (RIVM). 2020; Available from: <https://www.rivm.nl/monitoring-sterftecijfers-nederland>.
58. Statistics Netherlands (CBS); *Sterfte per week*. Available from: https://www.cbs.nl/nl-nl/reeksen/sterfte-per-week#_blank.

.....

**G. Lagerweij, B. Schimmer, S. Mooij, S. Raven,
A. Schoffelen, B. de Gier, S. Hahné**

.....

RIVM-rapport 2020-0048

Dit is een uitgave van:

**Rijksinstituut voor Volksgezondheid
en Milieu**

Postbus 1 | 3720 BA Bilthoven
www.rivm.nl

januari 2021

De zorg voor morgen begint vandaag