Staat van Zoönosen

2019

Staat van Zoönosen
2019

Colofon

© RIVM 2020
Delen uit deze publicatie mogen worden overgenomen op voorwaarde van bronvermelding: Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM), de titel van de publicatie en het jaar van uitgave.
DOI 10.21945/RIVM-2020-0130

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

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

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

Publiekssamenvatting

Staat van Zoönosen 2019

Het RIVM maakt in opdracht van de NVWA elk jaar een overzicht van de belangrijkste zoönosen en geeft daarin aan hoe vaak ze in Nederland voorkomen. Zoönosen zijn infectieziekten die van dier op mens kunnen worden overgedragen.

Eind 2019 waren er meer meldingen van mensen met papegaaienziekte (ook wel psittacose of ornithose genoemd) dan in voorgaande jaren. In totaal zijn er 91 meldingen binnengekomen, ten opzichte van 64 in 2018 en 52 meldingen in 2017. De ziekteverwekker, *Chlamydia psittaci*, kan door vogels op mensen worden overgedragen. Dat gebeurt meestal via thuis gehouden vogels. Waarschijnlijk heeft ook besmetting via vogels in het wild aan de toename bijgedragen. Geïnfecteerde mensen krijgen niet altijd ziekteverschijnselen. Als dat wel zo is, zijn dat meestal griepachtige klachten met koorts, hevige hoofdpijn, spierpijn, hoesten, rillerigheid en zweten. In ernstigere gevallen kan een longontsteking ontstaan.

In 2019 is bij zes hazen hazenpest (tularemie) aangetoond. De hazen kwamen uit vijf gebieden waar nog niet eerder hazenpest was gezien: Gelderland, Limburg, Noord-Holland, Overijssel en Utrecht. Artsen en laboratoria zijn sinds november 2016 verplicht om hazenpest te melden. De ziekte komt bij mensen weinig voor; in 2019 zijn vier meldingen binnengekomen. Mensen krijgen meestal zweren op de huid nadat ze contact hadden met besmette karkassen van dieren. Dat kan ook na een beet van een besmet insect. Andere mogelijke klachten zijn een oogontsteking, opgezwollen lymfeklieren, buikklachten/diarree, of een longontsteking.

De Staat van Zoönosen 2019 behandelt elk jaar een thema. Dit keer is dat de internationale samenwerking bij de bestrijding van zoönosen. Het hoofdstuk beschrijft hoe landen en organisaties in de grensregio's, in Europa en wereldwijd met elkaar samenwerken.

Kernwoorden: zoönosen, meldingsplichtige zoönosen, trends, internationale samenwerking,

Synopsis

State of Zoonoses 2019

Each year, at the request of the Netherlands Food and Consumer Product Safety Authority, RIVM prepares an overview of the most important zoonoses and indicates their prevalence in the Netherlands. Zoonoses are infectious diseases that can be transmitted from animals to humans.

At the end of 2019, there were more reports of people with Parrot fever (also called psittacosis or ornithosis) than in previous years. A total of 91 reports were received compared to 64 reports in 2018 and 52 in 2017. The pathogen *Chlamydia psittaci* can be transmitted to humans by birds. It is usually transmitted by pet birds kept in the home. Infection via wild birds has probably also contributed to the increase. Some people who are infected are asymptomatic. If symptoms do develop, they usually resemble flu symptoms such as fever, a bad headache, muscle pain, coughing, shivering, and sweating. More serious cases can also result in pneumonia.

In 2019, rabbit fever (tularaemia) was detected in six hares. The hares came from five regions that had until then been free of rabbit fever: Gelderland, Limburg, North Holland, Overijssel and Utrecht. Physicians and laboratories have been required to report cases of rabbit fever since November 2016. The disease is relatively rare among humans: in 2019, four cases were reported. Humans generally develop sores on their skin after coming into contact with infected cadavers of animals. This also can occur when bitten by an infected insect. Other possible symptoms include an eye infection, swollen lymph glands, stomach complaints/ diarrhoea, or pneumonia.

Each year, the State of Zoonoses 2019 deals with a different theme. This time, the theme is the international collaboration in the fight against zoonoses. The chapter describes how countries and organisations in the border regions, in Europe, and all over the world collaborate with each other.

Keywords: zoonoses, notifiable zoonoses, trends, international collaboration,

Inhoud

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

2 Trends **9**
2.1 Algemene demografische gegevens 9
2.1.1 Bevolking 9
2.1.2 Gezelschaps- en landbouwhuisdieren 9
2.1.3 Invoer van levende dieren en dierlijke producten 11
2.2 Meldingsplichtige zoönosen 12
2.2.1 Regelgeving over de opsporing en bestrijding van de bron van een zoönose 14
2.3 Dierziekte-vrij-status 17
2.4 Antrax 18
2.4.1 Antrax bij mensen 18
2.4.2 Antrax bij dieren 18
2.5 Aviaire Influenza 19
2.5.1 Aviaire influenza bij dieren (vogels) 19
2.6 Botulisme 20
2.6.1 Botulisme bij de mens 20
2.6.2 Botulisme bij dieren 21
2.7 Brucellose 21
2.7.1 Brucellose bij dieren 22
2.7.2 Brucellose bij de mens 22
2.8 BSE 23
2.9 *Burkholderia mallei* 23
2.10 Campylobacteriose 24
2.10.1 Humane campylobacteriose 24
2.10.2 *Campylobacter* bij dieren en dierlijke producten 26
2.10.3 Resistentieontwikkeling 29
2.11 Echinokokkose 29
2.11.1 Echinokokkose bij dieren 30
2.11.2 Echinokokkose bij mensen 31
2.12 Leptospirose 31
2.12.1 Leptospiren bij mensen 32
2.12.2 Leptospiren bij dieren 32
2.13 Listeriose 34
2.13.2 *Listeria* in voedsel 35
2.14 Orthohantavirus 35
2.14.1 Orthohantavirus-infecties bij mensen 36
2.14.2 Orthohantavirus bij dieren 36
2.15 Psittacose 37
2.15.1 Humane situatie 37
2.15.2 *Chlamydia psittaci* bij dieren 39
2.15.3 Andere mogelijk zoönotische *Chlamydia*-soorten 40
2.16 Q-koorts 41
2.16.1 Humane meldingen 42
2.16.2 Q-koorts veterinair 42
2.17 Rabiës 44
2.17.1 Rabiës bij de mens 44
2.17.2 Rabiës bij dieren 44
2.18 Salmonellose 45

2.18.1 Trends in salmonellose bij de mens 46
2.18.2 *Salmonella* bij landbouwhuisdieren en in voedsel 49
2.18.3 Bronnen van besmetting 54
2.18.4 Resistentieontwikkeling 54
2.18.5 Conclusies 55
2.19 STEC 55
2.19.1 STEC bij mensen 55
2.19.2 STEC bij dieren en in voedsel 56
2.19.3 STEC-attributie 56
2.20 Toxoplasmose 57
2.20.1 *Toxoplasma* bij mensen 57
2.20.2 *Toxoplasma* bij dieren 57
2.21 Trichinellose 59
2.21.1 *Trichinella* bij dieren 59
2.21.2 *Trichinellose* bij mensen 60
2.22 Tuberculose 60
2.22.1 Mycobacterium bovis-infecties bij de mens 61
2.22.2 Mycobacterium bovis-infecties bij dieren 61
2.23 Tularemie 62
2.23.1 Tularemie bij mensen 62
2.23.2 Tularemie bij dieren 63
2.23.3 Tularemie in water 63
2.23.4 Clades van tularemie 63
2.24 Voedsel-gerelateerde uitbraken 63
2.25 Geraadpleegde literatuur 65

3 Uitgelicht 69
3.1 Psittacose-verheffing in 2019/2020 en nieuwe tools voor bronopsporing 69
3.1.1 Verheffing najaar en winter 2019/2020 69
3.1.2 Nieuwe tools voor bronopsporing: Plat4m2btpsittacosis 70
3.2 *Brucella canis* in hondenfokkerij 71
3.3 Veehouderij en gezondheid omwonenden onderzoeksprogramma 72
3.4 Geraadpleegde literatuur 74

4 Internationale samenwerking op het gebied van zoönosen 75
4.1 Inleiding 75
4.2 Internationale organisaties die betrokken zijn bij de signalering en beheersing van zoönosen 77
4.2.1 WHO – World Health Organization 77
4.2.2 FAO – Food and Agriculture Organization 77
4.2.3 OIE – *Office International des Epizooties* 77
4.2.4 ECDC – *European Centre for Disease Prevention and Control* 79
4.2.5 EFSA – *European Food Safety Authority* 79
4.3 Internationale samenwerkingsverbanden en -projecten op het gebied van de bestrijding van zoönosen 80
4.3.1 Tripartite 80
4.3.2 GHSA – *De Global Health Security Agenda* 80
4.3.3 OHEJP – *One Health European Joint Programme* 81
4.3.4 COVETLAB – *Collaborating Veterinary Laboratories* 81
4.3.5 Samenwerking in grensregio's 81
4.4 Geraadpleegde literatuur 82

5 Gebruikte afkortingen 83

1 Inleiding

Het is 3 maart 2020. In China is de COVID-19-uitbraak in volle gang, de stad Wuhan zit sinds eind januari al in lockdown. COVID-19 heeft ons land net bereikt en Nederland staat aan het begin van een ongekende crisis waar niemand op dat moment nog weet van heeft. Diverse instituten die binnen Nederland met volksgezondheid te maken hebben zijn samengekomen om een start te maken met de JEE. JEE staat voor Joint External Evaluation. De JEE is een vrijwillig proces om de capaciteit van een land om volksgezondheidsrisico's te voorkomen, te detecteren en snel erop te reageren, te evalueren. Nederland heeft zich aangemeld voor een dergelijke evaluatie, die sterk is gelinkt aan de IHR, the International Health Regulations van de WHO. Zoönosen was een van de onderwerpen die tegen het licht zouden worden gehouden. De commissie die de JEE begeleidt, benadrukt sterk het belang van samenwerken in de evaluatie, en ook over de sectoren heen. Gelukkig is dit voor het onderwerp zoönosen in Nederland bijna een vanzelfsprekendheid. Helaas is een deel van de genodigden door COVID-19 niet aanwezig en duidelijk is dat ook een deel van de mensen die wel aanwezig zijn ook COVID-19 zaken aan hun hoofd hebben. Er wordt wijselijk, zeker achteraf gezien, besloten de JEE dit jaar niet door te laten gaan.

Als redactieraad hadden wij al besloten om internationale samenwerking het onderwerp te laten zijn van het thema-hoofdstuk. De belangrijkste wereldorganisaties, WHO (Wereldgezondheidsorganisatie), FAO (Voedsel- en landbouworganisatie) en OIE (Wereldorganisatie voor diergezondheid) komen aan bod en ook de Europese overkoepelende organisaties EFSA (Europese autoriteit voor voedselveiligheid) en ECDC (Europees Centrum voor ziektepreventie en -bestrijding). Naast samenwerking tussen landen en deze organisaties is ook samenwerking tussen de organisaties zelf van belang als het over zoönosen gaat. WHO, FAO en OIE hebben daarom een samenwerkingsverband *Tripartite* en EFSA en ECDC doen gezamenlijk risk-assessments op het terrein van zoönosen en brengen samen de *Zoonoses Report* uit.

1.1 Opbouw

De Staat van Zoönosen begint in hoofdstuk 2 ('Trends') met de trends en ontwikkelingen van de meldingsplichtige zoönosen voor het jaar 2019. In hoofdstuk 3 ('Uitgelicht') wordt er dieper ingegaan op een aantal ontwikkelingen rondom uitbraken en onderzoek. Hoofdstuk 4 ('Thema') heeft als onderwerp dit jaar 'Internationale samenwerking op het gebied van zoönosen'. In dit themahoofdstuk wordt ingegaan op de rol van internationale organisaties die betrokken zijn bij de beheersing van zoönosen. Daarnaast wordt er een aantal samenwerkingsverbanden uitgelicht. Achter elk hoofdstuk is een referentielijst opgenomen waar meer informatie over het betreffende onderwerp gevonden

kan worden. Ook is er een verklarende afkortingenlijst opgenomen (hoofdstuk 5).

1.2 Verantwoording

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

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

Aan het themahoofdstuk 'Internationale samenwerking op het gebied van zoönosen' hebben meegelezen en/of meegeschreven: Tryntsje Cuperus (RIVM), Eelco Franz (RIVM), Ingrid Friesema (RIVM), Ingrid Keur (NVWA), Kitty Maassen (RIVM), Mark van Passel (VWS), Wim van der Poel (WBVR), Mauro De Rosa (NVWA), Harry Rozendaal (NVWA), Corien Swaan (RIVM) en Frits Vlaanderen (RIVM).

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

Tot slot willen we allen die bijgedragen hebben hartelijk danken.

1.3 Geraadpleegde literatuur en referenties

World Health Organization. (2019). *IHR monitoring and evaluation framework: guidance document for joint external evaluation in special context countries* (No. WHO/WHE/CPI/2019.12). World Health Organization.
European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control (EFSA and ECDC). (2019). The European Union one health 2018 zoonoses report. EFSA Journal, 17(12), e05926.

2 Trends

2.1 Algemene demografische gegevens

Nedzib Tafro, Harry Rozendaal, Marcel Spierenburg

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

2.1.1 Bevolking

De totale Nederlandse bevolking bestond in 2017 uit iets meer dan 17 miljoen mensen. De groei ten opzichte van eerdere jaren zet zich versterkt door. Vrouwen vormen net als in (de meeste) voorgaande jaren een kleine meerderheid, maar het aantal vrouwen neemt minder snel toe dan het aantal mannen (Tabel 2.1.1 en 2.1.2). Ook de leeftijdsopbouw verschuift, waarbij het aandeel van de groep 65-plussers in de afgelopen 67 jaar is gegroeid van 7,7% in 1950 naar 18,5% van de totale bevolking in 2017 (Tabel 2.1.1)[1].

2.1.2 Gezelschaps- en landbouwhuisdieren

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

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

Tabel 2.1.1 Nederlandse bevolking naar geslacht en leeftijd op 1 januari 2019 (Bron: CBS).

Totale bevolking		**17.282.163**	**%**
Bevolking naar geslacht	Mannen	8.581.086	49,7
	Vrouwen	8.701.077	50,3
Bevolking naar leeftijd	0 tot 20 jaar	3.791.838	21,9
	20 tot 40 jaar	4.309.987	24,9
	40 tot 65 jaar	5.866.334	33,9
	65 tot 80 jaar	2.515.184	14,6
	80 jaar of ouder	824.495	4,8

Tabel 2.1.2 Nederlandse bevolking tot 1 januari 2019 (Bron: CBS).

Jaar	**2015**	**2016**	**2017**	**2018**	**2019**
Mannen	8.372.858	8.417.135	8.475.102	8.527.041	8.581.086
Vrouwen	8.527.868	8.561.985	8.606.405	8.654.043	8.701.077
Totale bevolking	16.900.726	16.979.120	17.081.507	17.181.084	17.282.163

Tabel 2.1.3 Aantal agrarische bedrijven (Bron: CBS).

Bedrijven	**2015**	**2016**	**2017**	**2018**	**2019**
Varkens	4.928	4.505	4.300	4.135	4.090
Runderen, totaal	28.841	26.630	26.260	25.393	24.610
Melk- en kalfkoeien	18.265	17.909	18.060	16.963	16.260
Vleeskalveren	1.910	1.860	1.570	1.227	1.675
Schapen	11.378	8.515	8.430	8.396	8.368
Geiten	3.185	2.658	2.660	2.972	3.043
Vleeskuikens	599	629	630	535	642
Leghennen	1.124	1.015	990	837	867
Paarden/pony's	11.038	8.056	8.410	8.405	7.683

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

Diercategorie	2015	2016	2017	2018	2019
Vleesvarkens	5.803	5.726	5.630	4.033	5.617
Fokzeugen	1.201	1.157	1.159	978	1.102
Runderen, totaal	4.133	4.245	4.069	3.945	3.810
Melk- en kalfkoeien	1.621	1.743	1.694	1.552	1.577
Vleeskalveren	909	956	953	988	1.065
Schapen	946	783	799	1.265	918
Geiten	470	500	533	651	614
Vleeskuikens	49.107	49.188	48.237	43.242	48.684
Leghennen*	47.682	46.209	46.442	47.747	44.319
Paarden/pony's	118	82	86	88	87

* Ouder dan 18 weken

[a] Gegevens vleeskuikens en leghennen van NVWA, overig CBS

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

Diercategorie	2015	2016	2017	2018	2019
Runderachtigen, totaal	1.955	2.096	2.164	2.188	2.065
Varkens	15.481	15.373	15.169	15.572	15.686
Schapen	746	976	942	529	568
Geiten	121	139	137	177	173
Paarden/pony's	4	4	3	2	1.9
Kippen, vleeskuikens	591.574	628.403	621.658	625.303	625.241

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

2.1.3 Invoer van levende dieren en dierlijke producten

Levende dieren zoals gezelschapsdieren, wilde en exotische dieren bestemd voor dierentuinen en paarden voor de sport, worden regelmatig over de wereld vervoerd. In 2019 zijn er op de Grenscontrolepost (GCP) Schiphol 15.187 zendingen vanuit tientallen verschillende landen buiten de EU (derde landen) voor importcontrole aangeboden (Tabel 2.1.6). Van de zendingen bestonden er 6.788 uit zendingen van levende dieren en 8.399 uit producten van dierlijke oorsprong. Niet al deze dieren blijven in Nederland; een deel ervan wordt naar een ander land binnen of buiten Europa doorgevoerd. Met een derde land wordt een land bedoeld dat niet is aangesloten bij de EU.

Om de kans op insleep en verspreiding van besmettelijke dierziekten in Nederland en de EU te beperken, zijn aan de import van levende dieren en dierlijke producten wetten en regels verbonden. Levende dieren moeten de EU binnenkomen op een door de EU erkende GCP. Dieren voor doorvoer (van een derde land naar een ander derde land) moeten aan de invoereisen van de EU voldoen. De importcriteria zijn gebaseerd op de Europese wetgeving

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

Diercategorie	2016	2017	2018	2019
Siervissen	16.590.883 (2.300)	13.270.159 (2.288)	18.208.164 (2.472)	19.408.365 (2.415)
Varkens		518 (17)	603 (18)	259 (10)
Paarden	2.738 (2.738)	3.098 (3.098)	2.488 (2.488)	2.651 (2.651)
1 dags pluimvee	1.889.778 (102)	1.450.500 (82)	255.000 (21)	939.295 (61)
Honden	802 (269)	630 (325)	873 (403)	989 (392)
Katten	196 (128)	192 (137)	219 (140)	326 (167)
Konijnen	5 (5)	11 (5)	12 (2)	8 (3)
Cavia's	5 (3)		2 (1)	8 (3)
Fretten				3 (1)
Eenden			13 (1)	
Rodentia (voor instellingen)	500 (31)	723 (53)	697 (10)	41 (6)
Insecten	4.278.417.158 (630)	5.484.312.149 (804)	10.094.150.766 (785)	5.158.000.000 (516)
Wild/exoten	217.672 (255)	146.255 (220)	29.169 (118)*	22.071 (110)*

* Amfibieën en reptielen 16.876, vogels 4.628, lama's 550, zwarte beer 3, jachtluipaard 2 en pelsrob 12.

en geïmplementeerd in de Nederlandse regelgeving en instructies. Bij aankomst op de GCP worden de dieren gecontroleerd door een inspecteur-dierenarts van de NVWA. In het themahoofdstuk van de *Staat van Zoönosen* van 2011 vindt u meer informatie over deze procedures.[3] Inspecties vormen geen waterdicht systeem. Er bestaat bijvoorbeeld het risico dat dieren binnenkomen met een infectie die zich nog in de incubatietijd bevindt, waarbij er dus nog geen klinische symptomen aanwezig zijn. Een aantal zoönosen kan worden overgedragen via vectoren die niet in Europa voorkomen of kunnen overleven. Vectoren die met geïmporteerde dieren mee zouden kunnen komen, vormen een potentieel risico voor de introductie van een zoönose. Met het veranderen van het klimaat is het mogelijk dat deze vectoren in de toekomst wel in Europa kunnen overleven en ziekteverwekkers kunnen overdragen.
In 2019 kwamen op Schiphol 71,7 miljoen passagiers uit de hele wereld, van of naar 332 bestemmingen wereldwijd.[4] Illegale invoer van levende dieren of dierlijke producten via de aankomsthal komt regelmatig voor. Het gaat dan om levende dieren als honden, katten, vogels en reptielen of dierlijke producten, zoals vlees en melk. Maar ook *bushmeat* afkomstig van in het wild levende dieren zoals vogels, reptielen en verschillende zoogdieren, verkregen door illegale jacht, wordt aangetroffen. Passagiers uit tropische gebieden van Afrika (voornamelijk West- en Centraal-Afrikaanse landen), Zuid-Amerika en Azië hebben soms de gewoonte om *bushmeat* te eten en nemen dat mee voor eigen gebruik of voor de handel. Vaak zijn deze producten onvoldoende thermisch behandeld (gedroogd en gerookt) en soms nog vers.
Internationale handel in het vlees van deze dieren is verboden. Deze invoer gebeurt illegaal en brengt gevaar voor de volksgezondheid met zich mee. Voornamelijk niet-humane primaten, die evolutionair dicht bij de mensen staan, vleermuizen en knaagdieren vormen een groot risico.

2.2 Meldingsplichtige zoönosen

Mauro De Rosa, George Haringhuizen

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

Tabel 2.2.1 Meldingsplichtige zoönosen van dier en mens.

Zoönose	Gwwd	Wpg	SvZ 2019*
Antrax (miltvuur)	√ [a, b, h]	√	ja
Aviaire influenza	√ [c]	√	ja
Botulisme	-	√	ja
Brucellose	√ [a, b, h]	√	ja
BSE/TSE/(v)CJD	√ [a, b, h]	√	ja, BSE
Kwade droes (*B. mallei*)	√ [b]	-	ja
Campylobacteriose**	√ [d]	√	ja
Echinokokkose	√ [d]	-	ja
Leptospirose	√ [e]	√	ja
Listeriose	√ [d]	√	ja
Mers-CoV	-	√	nee, komt niet in Nederland voor
Methicilline-resistente *Staphylococcus aureus (community cluster)*	-	√	nee, zoönotische overdracht van (vee-gerelateerde-) MRSA is niet meldingsplichtig
Monkey pox (apenpokken)	√ [a]	-	nee, komt niet in Nederland voor
Orthohantavirusinfectie	-	√	ja
Aviaire chlamydiose (psittacose, ornithose)	√ [f]	√	ja
Q-koorts	√ [i]	√	ja
Rabiës	√ [a, b, h]	√	ja
Rift Valley Fever	√ [b]	-	nee, komt niet in Nederland voor
SARS	-	√	nee, komt niet in Nederland voor
Salmonellose**	√ [d, j]	√	ja
SIV (*simian immunodeficiency virusinfecties*)	√ [a]	-	nee, exotische dierziekte
STEC en andere enterohemorragische *E. coli*-infectie	-	√	ja
Toxoplasmose	√ [d]	-	ja
Trichinellose	√ [b]	√	ja
Tuberculose	√ [g]	√	ja
Tularemie	√ [a]	√	ja
Virale haemorrhagische koorts (o.a. Ebolavirus, Marburgvirus)	√ [a]	√	nee, komt niet in Nederland voor
Virale paardenencefalomyelitis (o.a. West Nijlkoorts)	√ [b]	√	nee, komt niet in Nederland voor
Voedselinfectie (cluster)	-	√	ja
Yersiniose	√ [d]	√ [k]	nee, geen gegevens

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

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

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

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

[e] Leptospirose ten gevolge van *Leptospira* Hardjo; alle diersoorten

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

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

[h] Meldingsplichtig (bestrijdingsplichtig) dierziekten bij nertsen

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

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

[k] Alleen *Yersinia pestis*

* Opgenomen in *Staat van Zoönosen* 2019, H2 Trends

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

Tabel 2.2.2 De mogelijk op te leggen maatregelen bij een Gwwd bestrijdingsplichtige dierziekte (artikel 22).

a.	het afzonderen van zieke en verdachte dieren;
b.	opstallen, ophokken of op één plaats houden van zieke en verdachte dieren;
c.	het plaatsen van waarschuwingsborden;
d.	het door het plaatsen van kentekenen besmet of van besmetting verdacht verklaren van gebouwen en terreinen;
e.	het merken van zieke, verdachte en herstelde dieren;
f.	het doden van zieke en verdachte dieren;
g.	het onschadelijk maken van gedode of gestorven, zieke en verdachte dieren, en van produkten en voorwerpen, die besmet zijn of ervan worden verdacht gevaar op te leveren voor verspreiding van smetstof;
h.	het reinigen en ontsmetten van gebouwen, terreinen, bewaarplaatsen van mest en voorwerpen;
i.	het vastleggen, opsluiten of afzonderen van dieren;
j.	het behandelen van dieren of producten op een door onze Minister aangegeven wijze;
k.	het verbieden van het vervoeren van de op grond van artikel 25, eerste lid, aangewezen soorten of categorieën van dieren, producten of voorwerpen van of naar gebouwen en terreinen waar geen kenteken als bedoeld onderdeel d, is geplaatst;
l.	het verbieden van de toegang aan anderen dan de op grond van artikel 25, tweede lid, aangewezen personen of groepen van personen tot gebouwen en terreinen waar geen kenteken als bedoeld in onderdeel d, is geplaatst;
m.	het verbieden van het verlaten van gebouwen en terreinen waar geen kenteken als bedoeld in onderdeel d, is geplaatst, tenzij de door onze Minister voorgeschreven maatregelen van ontsmetting zijn toegepast;
n.	het nemen van andere maatregelen, voorzover een verdrag of een besluit van een volkenrechtelijke organisatie zulks met zich brengt.

In de veterinaire regelgeving wordt bij de meldingsplichtige ziekten een onderscheid gemaakt tussen meldingsplichtige en bestrijdingsplichtige ziekten. Alleen in het laatste geval mag de bevoegde autoriteit maatregelen opleggen (Tabel 2.2.2). De belangrijkste reden om een ziekte bestrijdingsplichtig te maken, is de noodzaak van bestrijdingsmaatregelen om gezondheidsschade bij mens en dier op korte en/of lange termijn te voorkomen. Daarnaast kunnen internationale verplichtingen aan de bestrijdingsplicht ten grondslag liggen.
Artsen zijn, op basis van de Wpg, verplicht een aantal infectieziekten bij mensen te melden bij de GGD. Dierenartsen zijn, op basis van de Gwwd, verplicht een aantal dierziekten te melden bij de NVWA. Naast artsen en dierenartsen worden, afhankelijk van de wettelijke bepaling, andere betrokkenen (bijvoorbeeld dierenhouders en laboratoria) verplicht melding te doen bij een verdenking en/of een bevestiging van daarvoor geselecteerde infectieziekten. Verder moeten bedrijfsartsen, maar ook andere artsen, (infectie) ziekten die opgelopen zijn tijdens het werk melden bij het Nederlands Centrum voor Beroepsziekten (NCvB). In principe zijn alle arbeidsgerelateerde zoönosen meldingsplichtig. Naast de Wpg meldingsplichtige ziekten moet het hoofd van een instelling waar kwetsbare groepen mensen verblijven (verzorgingshuis, kinderopvang enzovoort), er een melding van maken wanneer zich een ongewoon aantal patiënten voordoet met klachten waarbij een infectieziekte wordt vermoed (zoals diarree of huiduitslag).

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

In de Gezondheidswet wordt de organisatie van de zorg voor de volksgezondheid geregeld. Hierin is in artikel 36 opgenomen dat het Staatstoezicht tot taak heeft onderzoek te verrichten naar de staat van de volksgezondheid en de determinanten daarvan.[6]
Voor het humane deel zijn de inspectietaak en de bestrijdingstaak vervolgens gescheiden ondergebracht. De Wpg legt de bestrijdingstaak bij de GGD'en, inclusief het bronopsporingsonderzoek (art. 6 Wpg). Het toezicht wordt uitgeoefend door de Inspectie Gezondheidszorg en Jeugd (IGJ).
In het Besluit Staatstoezicht op de volksgezondheid worden de NVWA en de IGJ aangewezen als onderdelen van het Staatstoezicht. In de Gezondheidswet zijn, onder verwijzing naar de Algemene wet bestuursrecht (Awb), tevens de bevoegdheden van het Staatstoezicht opgenomen (Tabel 2.2.3).

Tabel 2.2.3 De feitelijke toezichthoudende bevoegdheden uit de Awb.

Bevoegdheid	Artikel	Opmerking
Betreden van elke plaats, met uitzondering van een woning, zonder toestemming van de bewoner.	5:15 lid 1	Benodigde apparatuur mag worden meegenomen
Zo nodig zich de toegang verschaffen met de hulp van de sterke arm (politie)	5:15 lid 2	Alleen indien nodig
Zich laten vergezellen door personen die daartoe door hem zijn aangewezen	5:15 lid 3	Personen worden door toezichthouder aangewezen en behoeven zelf geen toezichthouder te zijn
Inlichtingen te vorderen	5:16	
Inzage te vorderen van zakelijke gegevens en bescheiden	5:17 lid 1	
Van die bescheiden kopieën te maken	5:17 lid 2	
Als niet ter plaatse een kopie kan worden gemaakt, mogen de bescheiden voor dat doel korte tijd worden meegenomen tegen een door hem af te geven schriftelijk bewijs	5:17 lid 3	Indien het niet ter plaats kan, voor korte tijd tegen de afgifte van een schriftelijk bewijs
Zaken te onderzoeken, aan opneming te onderwerpen en daarvan monsters te nemen	5:18 lid 1	Ook fotograferen
Daartoe verpakkingen te openen	5:18 lid 3	
Indien onderzoek, opneming en monsterneming niet ter plaatse kan geschieden, zaken voor dat doel voor korte tijd mee te nemen tegen een door hem af te geven schriftelijk bewijs	5:18 lid 4	
Vervoermiddelen te onderzoeken met betrekking tot waartoe hij een toezichthoudende taak heeft	5:19 lid 1	Vervoermiddelen m.b.t. zijn toezichthoudend taak. Vervoermiddelen kunnen zijn motorrijtuigen, vaartuigen, vliegtuigen, aanhangwagens al dan niet in feitelijk gebruik
Vervoermiddelen waarmee naar zijn redelijk oordeel zaken worden vervoerd met betrekking waartoe hij een toezichthoudende taak heeft, op hun lading te onderzoeken	5:19 lid 2	Vervoermiddelen waarmee naar zijn redelijk oordeel zaken worden vervoerd
Van de bestuurder van een vervoermiddel inzage te vorderen van de wettelijk voorgeschreven bescheiden met betrekking waartoe hij een toezichthoudende taak heeft	5:19 lid 3	
Met het oog op de uitoefening van deze bevoegdheden van de bestuurder van een voertuig of van de schipper van een vaartuig te vorderen dat deze zijn vervoermiddel stilhoudt en naar een door hem aangewezen plaats overbrengt	5:19 lid 4	
Ieder moet (binnen een door de toezichthouder gestelde redelijke termijn) medewerking verlenen aan de toezichthouder	5:20 lid 1	Stellen van een redelijk termijn waarbinnen die medewerking dient plaats te vinden en die redelijkerwijs gevoerd kan worden. Weigeren van de medewerking levert het strafbare feit van art.184 Wetboekvan Strafrecht op (niet voldoen aan een ambtelijk bevel). Uitzondering is wanneer een beroep gedaan kan worden op de geheimhouding op grond van ambt, beroep of wettelijk voorschrift (lid 2)

Tabel 2.2.4: De mogelijk op te leggen maatregelen volgens artikel 47 van de Wpg.

1 Indien er een gegrond vermoeden bestaat van een besmetting kan de burgemeester, dan wel de voorzitter van de veiligheidsregio, gebouwen, vervoermiddelen, goederen en waren controleren op de aanwezigheid van een besmetting, zonodig door het nemen van monsters.
2 In het geval van een besmetting kan de burgemeester, dan wel de voorzitter van de veiligheidsregio:
a. voorschriften van technisch-hygiënische aard geven,
b. gebouwen, vervoermiddelen of goederen ontsmetten, met inbegrip van de vernietiging van vectoren.
3 In het geval van een besmetting waarbij ernstig gevaar dreigt voor de volksgezondheid, kan de burgemeester, dan wel de voorzitter van de veiligheidsregio:
a. gebouwen of terreinen dan wel gedeelten daarvan sluiten,
b. een verbod uitvaardigen tot het gebruik maken of betreden van vervoermiddelen,
c. waren vernietigen.
4 De burgemeester, dan wel de voorzitter van de veiligheidsregio, heft de maatregel op als het gevaar is geweken.

Tabel 2.2.5: De mogelijk op te leggen maatregelen specifiek ten aanzien van vectoren (art. 6a Wpg) volgens artikel 47a Wpg.

1 Ter uitvoering van artikel 6a (bestrijding van specifieke vectoren aangewezen in het Besluit PG) is Onze Minister bij uitsluiting van de burgemeester bevoegd de volgende maatregelen te nemen:
a. het controleren van terreinen, gebouwen, vervoermiddelen of goederen op de aanwezigheid van een vector, zo nodig door het nemen van monsters, indien er een aannemelijk risico is op de aanwezigheid van een dergelijke vector,
b. het geven van voorschriften van technisch-hygiënische aard bij de aanwezigheid van een vector, of indien er een aannemelijk risico daarop is,
c. het vernietigen van vectoren op of in terreinen, gebouwen, vervoermiddelen of goederen
2 Onze Minister kan een last onder bestuursdwang opleggen aan degene die geen medewerking verleent aan het uitvoeren van het bepaalde in het eerste lid, onderdeel b.

Dit houdt onder andere in dat de NVWA bronopsporing mag doen na verzoeken van de GGD'en indien mensen ziek zijn geworden na direct of indirect contact met dieren (non-alimentaire zoönosen) of via levensmiddelen, al dan niet van dierlijke oorsprong. Het opleggen van maatregelen als zodanig is vanuit de staatstoezichtsfunctie niet mogelijk, tenzij bij de uitvoering daarvan bevindingen worden gedaan die onder de invloedssfeer van de Warenwet of de Gwwd vallen. Een voorbeeld is dat de NVWA maatregelen mag opleggen bij een positieve *C. Psittaci*-bevinding in vogels naar aanleiding van bronopsporing (Tabel 2.2.1). Dit geldt echter bijvoorbeeld niet voor gehouden ratten die positief zijn bevonden op het Seoul-virus. In zulke gevallen kan wel artikel 47 van de Wpg van toepassing zijn (Tabel 2.2.4). Recent is een wijziging in de Wpg doorgevoerd. Hierdoor kan de Minister van VWS in plaats van de burgemeester de bestrijding van specifieke vectoren, zoals aangewezen in het Besluit (bepaalde Aedes-soorten), centraal uitvoeren (Tabel 2.2.5).[7]

Bij de totstandkoming van de Wpg is ervoor gekozen maatregelen ten aanzien van dieren daar niet onder te laten vallen, maar deze voor te behouden aan de uitvoerder van de Gwdd, de NVWA. De uitzondering daarop vormen 'vectoren', die in een recente uitleg van de minister gedefinieerd zijn als 'elk dier dat een infectieus agens kan doorgeven aan een mens'. De Wpg fungeert in dezen enkel als vangnet, als de maatregelen niet of niet afdoende op grond van de Gwwd kunnen worden getroffen. Artikel 47 van de Wpg geeft behoorlijk ruime mogelijkheden om besmettelijke materialen en vectoren te beheersen of te vernietigen. In het geval van de Seoul-besmetting mogen de ratten in principe op grond van de Wpg door de GGD bestreden worden.

Bestrijden kan variëren van uitvoeren van bronopsporing, risicocommunicatie en/of behandelen tot aan ruimen/euthanasie. In de meeste gevallen verzoekt de GGD de NVWA tot de uitvoer van de bestrijding.

De Gemeente mag onder art. 47 van de Wpg:
- hygiënevoorschriften geven, bijvoorbeeld waarschuwingsbordjes of beschermende kleding voorschrijven, of opdragen om mest toe te dekken;
- gebouwen, vervoermiddelen of goederen ontsmetten (en vectoren vernietigen).

Voor deze maatregelen moet een gegrond vermoeden van besmetting bestaan, maar hoeft er geen (ernstig) gevaar voor de volksgezondheid bewezen te worden. Wél moet er een ratio gegeven worden, omdat burgers worden belast. Deze ratio is de gezondheidsbescherming van mensen, maar kan bijvoorbeeld ook in de sfeer van dierenwelzijn, milieu of economie liggen.

Voorts kan de Gemeente op grond van de Wpg:
- gebouwen of terreinen sluiten;
- vervoer verbieden;
- waren, dat wil zeggen materialen, van welke aard ook, innemen en vernietigen.

Voor deze laatste bevoegdheden is wel voorwaarde dat er 'een ernstig gevaar voor de volksgezondheid dreigt'.

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

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

2.3 Dierziekte-vrij-status

Mauro De Rosa

Voor een aantal besmettelijke dierziekten kunnen landen bij de OIE de officiële vrij-status notificeren. De voorwaarden waaronder een land de officiële vrij-status voor een bepaalde ziekte kan verkrijgen variëren, maar meestal zijn minimaal een effectief surveillancesysteem en meldingsplicht voor de betreffende ziekte vereist. De gedetailleerde voorwaarden en de dierziektestatus kunnen in de database van de OIE (WAHIS) geraadpleegd worden.[8] De systematiek van 'officiële vrij-status' is in eerste instantie ingesteld om de internationale handel in levende dieren en dierlijke (bij)producten te vergemakkelijken. Het kan voorkomen dat er dierziektegevallen zijn geweest, maar dat het land nog de 'OIE officiële vrij-status' behoudt. Bijvoorbeeld als die gevallen veroorzaakt werden door de invoer van besmette dieren uit een ander land en er geen of beperkte verdere verspreiding heeft plaatsgevonden. Hieronder staat de OIE-status voor Nederland in 2019 wat betreft de relevante zoönosen.

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

* gelimiteerd tot één of meer zones
** stond abusievelijk voorgaande jaren als niet-aanwezig geregistreerd bij OIE (zie paragraaf 2.15)
*** gevonden in wilde dieren (vos, wilde zwijn en wasbeerhond) in voorgaande jaren

Nooit gerapporteerde zoönosen:
- Brucellose (*Brucella melitensis*)
- Krim-Congo hemorragische koorts
- Equine encefalomyelitis (westerse)
- Equine encefalomyelitis (oosterse)
- Japanse encefalitis
- Nipah-virus encefalitis
- Ovine epididymitis (*Brucella ovis*)
- Riftdalkoorts
- Salmonellose (*S.* Abortusovis)
- Trypanosomose (o.a. Chagas)
- Venezolaanse equine encefalomyelitis
- West Nijlkoorts

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

[#] Het voorkomen van vleermuisrabiës (EBLV) heeft geen invloed op de OIE-vrijstatus

2.4 Antrax

Ingrid Friesema, Miriam Koene

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

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

2.4.1 Antrax bij mensen

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

In Europa is de incidentie van miltvuur bij mensen in de loop van de twintigste eeuw drastisch gedaald. Tegenwoordig komt het slechts sporadisch voor en treft dan meestal boeren of medewerkers in textiel- of wolfabrieken, die in contact komen met besmette dieren of dierproducten. In Nederland is miltvuur bij mensen uiterst zeldzaam. In totaal zijn sinds 1976 (het jaar waarin de ziekte meldingsplichtig is gemaakt) negen gevallen van humane antrax beschreven, waarvan twee in 2018 met huidantrax opgelopen in Tanzania en Turkije. In 2019 zijn er geen nieuwe patiënten gemeld.

2.4.2 Antrax bij dieren

De laatste Nederlandse uitbraken van antrax bij rundvee dateren uit de beginjaren negentig van de vorige eeuw. Echter, in Zuid- en Zuidoost-Europa komt miltvuur bij dieren nog steeds regelmatig voor. In de overige Europese landen komt de ziekte slechts sporadisch voor. In 2019 werd bij de OIE en EU ADNS melding gemaakt van miltvuur in onder andere Frankrijk (rundvee, schapen, paarden), Italië (rundvee, een schaap en een geit), Hongarije (schapen en rundvee), Roemenië (varkens) en Noord-Macedonië (schapen)[8, 11] Gevallen bij vee betreffen vrijwel altijd weidende dieren die in gebieden met een geschiedenis van miltvuur sporen via grazen opnemen.

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

In 2019 is tweemaal een inzending ontvangen van een witte kuil. In beide gevallen werd hierin geen *B. anthracis* aangetoond. Daarnaast zijn een aantal monsters van wilde zwijnen getest in verband met verhoogde sterfte van wilde zwijnen op de Veluwe en is een monster van een rund onderzocht. Ook in deze monsters werd geen miltvuur aangetoond.

2.5 Aviaire Influenza

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

2.5.1 Aviaire influenza bij dieren (vogels)

In de verplichte monitoring en *early warning*[12] van aviaire influenza (vogelgriep) bij commercieel gehouden pluimvee worden regelmatig laag pathogene Aviaire influenza (LPAI-)virussen of antilichamen tegen deze virussen gevonden. LPAI-virussen komen van nature voor in wilde watervogels, en kunnen door deze vogels op gehouden pluimvee worden overgebracht.[13] Voor pluimvee met uitloop geldt dan ook een hoger risico en daardoor een hogere monitoringsfrequentie. LPAI-virussen kunnen door middel van moleculaire technieken of bio-assays van HPAI-virussen worden onderscheiden. Het onderscheid tussen hoog pathogene en laag pathogene Aviaire influenza is gebaseerd op het klinisch beeld bij pluimvee. Zoals de naam suggereert, zijn klinische symptomen bij infecties met LPAI-virussen bij pluimvee doorgaans mild. De LPAI-virussen met hemagglutinine typen H5 en H7 kunnen echter naar hoog pathogene varianten muteren. HPAI-virussen kunnen ernstige ziekte en tot 100% mortaliteit veroorzaken in een koppel pluimvee. Derhalve zijn zowel LPAI als HPAI-virussen van subtype H5 en H7 bestrijdingsplichtig bij commerciële pluimveebedrijven (zie paragraaf 2.2). De maatregelen bij een H5/H7 LPAI- besmetting zijn dezelfde als bij een HPAI-besmetting. De maatregelen komen in hoofdlijnen op het volgende neer: het pluimvee van het besmette bedrijf wordt geruimd en voor het bedrijf gelden vervoersbeperkingen. De pluimveecontacten van het bedrijf worden getraceerd en onderzocht. Daarnaast zullen de andere pluimveebedrijven in een straal van één tot drie kilometer om het besmette bedrijf eveneens worden onderzocht. Bij besmettingen met andere LPAI-virussen dan subtype H5 en H7 worden door de NVWA geen maatregelen genomen. Infecties met deze virussen worden door de besmette pluimveestapel in de regel binnen enkele weken geklaard. In 2019 werden op vijftig pluimveebedrijven antistoffen aangetoond tegen verschillende subtypen LPAI-virussen. Dit betrof in 27 gevallen H6-virussen, met N-subtypen N1, N2 en N8. Ook werden antistoffen aangetoond tegen subtypen H5N2, H5N3 en H7N3 op drie verschillende pluimveebedrijven. Er werden in 2019 op zeven bedrijven LPAI-virussen aangetoond; dit betrof subtypen H6N1, H6N2, H6N8, H3N8 en H4N6. Er werden in 2019 geen aangifteplichtige H5- of H7-virussen aangetoond, en er werden dus geen pluimveebedrijven geruimd. Het aantal introducties van LPAI-virussen is dit jaar hoger dan voorgaande jaren, mogelijk doordat er in 2019 geen ophokplicht werd ingesteld voor uitloop-kippen.

Van bepaalde HPAI-virussen (zoals H5N1) is bekend dat ze mensen kunnen infecteren met ernstige ziekte of sterfte tot gevolg. In 2019 werden er geen HPAI-virussen in Nederland aangetoond. Wel waren er introducties van HPAI H5N8 in Oost-Europa en Duitsland. Dit virus is verwant aan de HPAI H5-virussen die in voorgaande jaren in Nederland werden aangetoond, en voor deze virussen werden tot op heden geen humane infecties gerapporteerd. Sinds 2004 circuleren HPAI H5-virussen in wilde watervogels in Azië, en het HPAI H5N1-virus werd eind 2005 voor het eerst door trekvogels geïntroduceerd in Europa. De epidemie onder wilde watervogels heeft zich sindsdien sterk uitgebreid, en er zijn inmiddels vele subtypen ontstaan vanuit dit HPAI H5N1-virus via *reassortment*, zoals H5N2, H5N3, H5N5, H5N6 en H5N8. In Nederland werd de pluimveesector in 2014, 2016 en 2017 getroffen door uitbraken van HPAI H5-virussen. In 2014 betrof het subtype H5N8, in 2016 een genetisch verschillend H5N8-virus, en in 2017 subtype H5N6. Deze HPAI-virussen werden in het najaar in Nederland geïntroduceerd door wilde trekvogels die de winter doorbrengen in ons land. Door deze nieuwe situatie, waarin HPAI H5-virussen in de wilde vogelpopulatie circuleren, is het risico op introductie van HPAI-virussen de afgelopen jaren sterk toegenomen.

2.5.2 Aviaire influenza bij mensen

In de periode 2003-2019 waren er 861 bevestigde gevallen van HPAI H5N1 in mensen, waarvan er 455 overleden. Ook bepaalde LPAI-virussen kunnen mensen infecteren, bijvoorbeeld H7N1, H7N2, H7N9, H9N2 en H10N7. Uit verkennend literatuuronderzoek uitgevoerd in 2012 blijkt dat de ziektelast van LPAI-virussen bij mensen in het algemeen zeer beperkt is,[14] wat bevestigd is in een latere studie.[15] Uitzondering hierop is LPAI H7N9-virus dat sinds 2013 in China circuleert en sterfte veroorzaakt in ongeveer 30% van de geïnfecteerde mensen. Van oktober 2016 tot en met juni 2017 was er een toename van het aantal humane besmettingen met LPAI H7N9. De meeste humane gevallen werden veroorzaakt door direct contact met besmet pluimvee; er zijn geen aanwijzingen dat het transmissievermogen van het virus tussen mensen toeneemt. Sinds juli 2017 wordt pluimvee in China gevaccineerd tegen het H7N9-virus.[16] Na juni 2017 is het aantal humane besmettingen sporadisch in China en is er geen sprake van een nieuwe epidemie.[17] In 2019 werd slechts één humane infectie aangetoond. Uit het LPAI H7N9 is door mutatie een HPAI H7N9-virus ontstaan. In december 2016 werd de eerste humane besmetting met HPAI H7N9 beschreven in China. Sindsdien is er

bij 32 mensen een HPAI H7N9-virus aangetoond.[16] Er zijn geen aanwijzingen dat het voor pluimvee hoog-pathogene virus een hogere pathogeniciteit of transmissiecapaciteit in mensen heeft.[18] Er is een humane infectie met LPAI H6N1 gerapporteerd in Taiwan in 2013. Genetische analyse heeft aangetoond dat de H6-virussen die in 2019 in Nederland circuleerden niet verwant zijn aan dit humane Aziatische virus. Er werden in Nederland in 2019 geen bekend zoönotische virussen aangetoond.

In het griepseizoen is er een (zeer kleine) kans op menginfecties van het humane seizoensgriepvirus en AI-virussen, met als mogelijke uitkomst het ontstaan van nieuwe varianten door *reassortment* van genetisch materiaal. Bij reassortment vormen twee of meer influenzavirussen een nieuw subtype virus, waarbij een nieuwe combinatie van viruseiwitten wordt aangemaakt. Als dit een dusdanig nieuw type is waartegen nog geen (populatie-)immuniteit bestaat, is er kans op een pandemie. Bij influenzavirussen treedt relatief gemakkelijk reassortment op, omdat het genetisch materiaal bestaat uit acht losse RNA-strengen. Omdat LPAI-virussen tot milde klachten kunnen leiden, adviseert het RIVM-CIb personen die in aanraking zijn geweest met besmet pluimvee(materiaal) alert te zijn op griepachtige verschijnselen.[19] De GGD monitort het optreden van eventuele gezondheids-klachten en zet indien nodig diagnostiek in. Bij een vastgestelde HPAI of een sterke verdenking op HPAI op een pluimveebedrijf wordt oseltamivir-profylaxe aangeboden aan werknemers en ruimers. Los van een uitbraak worden alle mensen die mogelijk beroepsmatig bij het ruimen van pluimvee betrokken zullen zijn, jaarlijks gevaccineerd met het influenza-seizoensvaccin. Alleen mensen die gevaccineerd zijn, mogen pluimvee ruimen in geval van een influenzabesmetting. Deze regeling is ingesteld om de kans op reassortment te beperken, doordat gevaccineerde personen minder risico lopen om geïnfecteerd te worden met het seizoensinfluenzavirus. Ruimers moeten zich houden aan strikte protocollen die een uitgebreid pakket aan hygiënemaatregelen en instructies voor persoonlijke beschermingsmiddelen (onder andere een masker, bril, haarnetje, wegwerpoverall, wegwerphandschoenen en werkhandschoenen) omvatten.[20] Dit om humane besmetting en mogelijke versleping van virus via kleding te voorkomen.

In Nederland zijn in 2019 geen patiënten met luchtweg-klachten bemonsterd vanwege mogelijke besmetting met het Aviaire influenzavirus.

2.6 Botulisme

Miriam Koene, Ingrid Friesema

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

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

2.6.1 Botulisme bij de mens

In Nederland komt botulisme bij mensen slechts zeer incidenteel voor. In de periode 2007-2019 is in totaal bij tien patiënten de diagnose bevestigd door middel van laboratoriumdiagnostiek. Dit betrof een uitbraak van botulisme type B in een reisgezelschap (2008),[22,23] drie individuele gevallen bij volwassenen (eenmaal in 2015 en twee in 2016)[24] en drie gevallen van infantiel botulisme (eenmaal in 2007 en twee in 2012). In 2019 zijn er geen gevallen van botulisme in Nederland gemeld. In 2019 is door WBVR één serummonster van een Nederlandse patiënt onderzocht op botulisme, waarbij geen botulinum-neurotoxine is aangetoond. Daarnaast is in 2019 een inzending ontvangen afkomstig uit het buitenland. Het betrof materiaal van drie familieleden met een verdenking van botulisme. In sera werden neurotoxines aangetoond, maar er was helaas onvoldoende materiaal beschikbaar voor verdere typering van de toxines. In de feces van één patiënt werd *Clostridium botulinum* type A(B) aangetoond. *C. botulinum* A(B)-stammen zijn niet ongewoon in Europa en de VS.[25]

2.6.2 Botulisme bij dieren

Botulisme is vooral bekend van uitbraken bij watervogels, waarbij in warme zomermaanden grote aantallen dieren kunnen sterven. Er zijn in 2019 in totaal 95 monsters van wilde fauna in de toxinetest onderzocht. Dit betrof negentig monsters van vogels en vijf monsters van vissen. Toxine type C werd aangetroffen in 32 van de onderzochte vogelmonsters. In de overige vogelmonsters en de monsters van de vissen kon geen toxine worden aangetoond. Tevens zijn een aantal monsters van wilde zwijnen onderzocht op de aanwezigheid van *C. botulinum* middels PCR. Dit gebeurde in verband met verhoogde sterfte van wilde zwijnen op de Veluwe. In deze monsters werd de bacterie niet aangetoond.

Net als in andere jaren was er ook sprake van botulisme bij gehouden dieren. Er vindt binnen de diagnostiek een verschuiving plaats van de klassieke toxinetest in muizen naar een voorscreening met PCR, om gebruik van proefdieren zoveel mogelijk te beperken. In 2019 zijn 46 monsters van rundvee ingestuurd. Bij negen rundveemonsters werd met PCR de aanwezigheid van *C. botulinum* type D/C vastgesteld. De overige monsters waren negatief in de PCR. In vrijwel alle gevallen werd voor de diagnostiek volstaan met de PCR-resultaten in combinatie met het klinisch beeld. Ook onder pluimvee (kippen en eenden) kwamen verdenkingen van botulisme voor; in acht van de negentien onderzochte monsters kon inderdaad toxine type C worden aangetoond. Daarnaast zijn monsters onderzocht van paarden (zevenmaal), een hond en een konijn. In geen van deze gevallen kon botulisme met laboratorium-diagnostiek worden bevestigd.

2.7 Brucellose

Lola Tulen, Marcel Spierenburg, Vanessa Visser, Harry Rozendaal

Brucellose komt wereldwijd voor. Slechts enkele landen hebben brucellose in de landbouwhuisdierenpopulatie effectief bestreden. Nederland is volgens de OIE en andere officiële instanties sinds 1999 officieel vrij van brucellose. Brucellose wordt veroorzaakt door een bacterie van het geslacht *Brucella*. *Brucella abortus* veroorzaakt brucellose bij herkauwers, voornamelijk runderen, en wordt ook wel Abortus Bang genoemd. *B. melitensis* en *B. ovis* veroorzaken brucellose bij geiten en schapen, terwijl *Brucella suis* en *Brucella canis* brucellose veroorzaken bij respectievelijk varkens en honden. Brucellose bij dieren leidt voornamelijk tot reproductie-stoornissen en abortus. Bij varkens wordt ook artritis gezien en bij paarden kan brucellose tot een heel ander ziektebeeld leiden (fistels en builen aan nek en schoft). *Brucella*-soorten zijn echter niet strikt soortspecifiek. Mensen zijn gevoelig voor met name *B. melitensis*, *B. abortus*, *B. suis* biovars 1 en 3, *B. canis* en in mindere mate voor *B. pinnipedialis* en *B. ceti*. Besmette dieren scheiden de bacterie uit in melk, urine, ontlasting, sperma, vaginale excreta en placentamateriaal. Infecties bij mensen kunnen subklinisch, acuut of chronisch verlopen. Verschijnselen zijn koorts, hoofdpijn, malaise, moeheid, zweten en gewrichts-klachten (vooral door sacro-iliitis en spondylitis). Bij chronische brucellose treden daarnaast gebrek aan eetlust en gewichtsverlies op. Complicaties die kunnen optreden zijn endocarditis, nefritis, meningo-encefalitis, osteomyelitis en orchitis.[26]

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

	2015	2016	2017	2018	2019
B. abortus	47 (0)	47 (0)	49 (0)	39 (0)	35 (0)
B. suis	60 (0)	75 (0)	81 (0)	54 (0)	62 (0)
B. melitensis	6 (0)	5 (0)	41 (0)	40(0)	24 (0)
B. ovis	1 (0)	3 (0)	4 (0)	3 (0)	3 (0)
Totaal	**114**	**130**	**175**	**157**	**124**

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

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

In 2019 registreerde de NVWA in totaal 124 meldingen van verdenking van brucellose bij landbouwdieren (Tabel 2.7.1).

2.7.1 Brucellose bij dieren

2.7.1.1 *Runderen*

Sinds 1997 zijn er geen besmette runderen in Nederland gevonden en vanaf 1 augustus 1999 is Nederland officieel vrij van bovine brucellose. Ter bewaking van de vrij-status wordt een aantal controles uitgevoerd. Alle runderen aangeboden ter slachting worden individueel voor en na de slacht gecontroleerd. Tevens zijn veehouders verplicht bloedonderzoek uit te laten voeren door de GD bij elk rund dat verwerpt tussen dag 100 en 260 van de dracht. Dierenartsen, veehouders en laboratoria moeten een (klinische) verdenking verplicht melden aan de NVWA, die vervolgens de dieren onderzoekt. Runderen die aangeboden worden voor de export of worden ingezet voor reproductie worden vaak ook klinisch en serologisch onderzocht op brucellose. In 2019 zijn 35 verdenkingsmeldingen (alle *B. abortus*) bij rundvee afgehandeld. Alle meldingen waren negatief.

2.7.1.2 *Schapen en geiten*

Brucellose bij schapen of geiten is in Nederland nog nooit vastgesteld. Ter bewaking van de vrij-status wordt er een aantal controles uitgevoerd die vergelijkbaar zijn met die van bovine brucellose. De controles bij schapen en geiten zijn echter minder uitgebreid dan bij runderen. In 2019 werden 24 verdenkingen van *B. melitensis* en drie verdenkingen van *B. ovis* bij schapen en geiten afgehandeld. Ook bij deze meldingen werd bij nader onderzoek geen brucellose vastgesteld.

2.7.1.3 *Varkens*

Ter bewaking van de vrij-status wordt ook bij varkens een aantal controles uitgevoerd. Hierbij horen ook de meldingen die in het kader van monitoring bij varkens door de GD worden uitgevoerd. Deze *B. suis*-meldingen worden voornamelijk gedaan door Kunstmatige Inseminatie (KI-)varkensverenigingen en varkensfokkers. De inzet van reproductiemateriaal wordt standaard onderzocht en moet vrij zijn van brucellose voordat de dieren worden ingezet voor reproductie. Beren worden gescreend voor spermawinning, zeugen wanneer er afwijkingen zijn bij de geboorte (verwerpers). Bij een verdenking wordt eerst een confirmatie van de bloedmonsters uitgevoerd door WBVR. Als deze ook verdacht is, wordt door de NVWA nogmaals bloed afgenomen van het betreffende dier en (eventueel) koppelgenoten. In 2018 waren er in totaal 62 *B. suis*-verdenkingen, maar werd bij nader onderzoek de bacterie niet aangetroffen.

2.7.1.4 *Honden*

In 2019 zijn er zes verdenkingen van *Brucella canis* gemeld; van deze meldingen zijn er drie positief getest. Een hond was een adoptiehond uit Bulgarije. Dit hondje is vanwege de aard van de klachten geëuthanaseerd. Eind van het jaar is ook melding gemaakt van een Jordaanse hond, die samen met de eigenaar geëmigreerd is naar Nederland. In Jordanië had de hond al periodes van kreupelheid. Ook deze hond is, vanwege de ernst van de klachten, geëuthanaseerd.

Maar de meest imponerende casus van 2019 is bij een fokkerij geweest. Deze fokkerij bestond uit 72 honden, waarbij minder dan de helft van de dieren gebruikt werd voor fokkerij. De eigenaar heeft, om een nieuw ras op te zetten in Nederland, honden geïmporteerd uit Rusland. Helaas bleken drie van de vier honden positief voor *Brucella canis*; deze vier kwamen van hetzelfde adres in Rusland. Door de manier van houden van deze honden is het mogelijk gebleken om de infectie zodanig te verspreiden op de locatie dat er uiteindelijk besloten is om alle aanwezige honden te euthanaseren en het bedrijf een halfjaar leegstand op te leggen. Er is geen verspreiding naar buiten deze fokkerij aangetoond. Meer informatie over deze casus is te vinden in hoofdstuk 3, (pagina 69).

2.7.2 Brucellose bij de mens

Humane besmetting vindt voornamelijk plaats door contact met besmette dieren, het drinken van rauwe melk of andere ongepasteuriseerde zuivelproducten. In Nederland worden sporadisch gevallen van menselijke besmettingen met *Brucella* gemeld, meestal na bezoek aan het buitenland of door consumptie van rauwmelkse zuivelproducten afkomstig uit het buitenland. In totaal zijn zeven patiënten (twee vrouwen van 24 en 58 jaar oud en vijf mannen tussen de 34 en 56 jaar oud) met

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

Jaar	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019
Aantal meldingen	5	2	9	4	2	5	7
Opgelopen in Turkije/Irak	3/0	2/0	2/2	1/0	0/0	1/1	0/2

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

	Gezonde slachtrunderen		Noodslachtingen		Kadavers	
Jaar	Aantal getest	Positief	Aantal getest	Positief	Aantal getest	Positief
2015	196	0	4.879	0	45.716	0
2016	14	0	5.385	0	49.173	0
2017	36	0	5.197	0	41.888	0
2018	30	0	5.024	0	45.276	0
2019	27	0	5.035	0	46.965	0

brucellose gemeld in Osiris met een eerste ziektedag in 2019. Op één patiënt na waren allen opgenomen in het ziekenhuis. Het betrof bij vier patiënten een infectie met *B. melitensis* en bij drie patiënten was de *Brucella*-soort onbekend. Alle zeven patiënten hadden de infectie opgelopen in het buitenland. Drie patiënten hadden de infectie opgelopen via consumptie van rauwe zuivelproducten of contact met schapen en geiten in Syrië, Ethiopië of Irak. Twee andere patiënten hadden de infectie mogelijk opgelopen via consumptie van rauwe kamelenmelk in Somalië. Bij de overige twee patiënten was de bron van besmetting onduidelijk; zij hadden de infectie opgelopen in Syrië en Irak.

2.8 BSE

Lucien van Keulen, Barbara Schimmer

BSE (bovine spongiforme encefalopathie) is een infectieziekte die voorkomt bij rundvee en behoort tot de groep van 'overdraagbare spongiforme encefalopathieën' (Engels: *transmissible spongiform encephalopathies*, TSE's) of prionziekten. De encefalopathie wordt veroorzaakt door afwijkend gevouwen prionen, waardoor microscopisch kleine gaten in de hersenen ontstaan (spongiform).[27] Spongiforme encefalopathieën kennen over het algemeen een (zeer) lange incubatietijd. Het is zo goed als zeker dat er een verband bestaat tussen BSE en het ontstaan van een variant van de ziekte van Creutzfeldt-Jakob (vCJD) bij de mens. Variant vCJD werd voor het eerst beschreven in 1996 in Groot-Brittannië.[28]

Wereldwijd zijn er enkele honderden mensen overleden aan vCJD. In Nederland zijn drie mensen overleden ten gevolge van vCJD. Het laatste geval dateert van 2008. Door import van besmette koeien en besmet diermeel is BSE waarschijnlijk al aan het eind van de jaren tachtig in Nederland geïntroduceerd.

BSE is in Nederland een meldingsplichtige ziekte sinds 29 juli 1990 (zie paragraaf 2.2). Dierenartsen en veehouders zijn verplicht om dieren met verschijnselen van BSE te melden aan de NVWA. Deze meldingsplicht is de pijler van het zogenoemde passieve surveillancesysteem. Daarnaast kunnen dieren met verschijnselen worden gevonden bij de slachtkeuring op slachthuizen door medewerkers van de NVWA. Deze dieren worden vervolgens naar het WBVR-NRL vervoerd, waar een definitieve diagnose wordt gesteld. Een actief surveillancesysteem is vanaf eind 2000 ingevoerd waarbij aanvankelijk alle gezonde slachtrunderen, in nood geslachte runderen en gestorven runderen op BSE werden getest. Gezien de gunstige situatie is begin 2013 gestopt met het testen van gezonde slachtrunderen in een groot aantal Europese lidstaten, waaronder Nederland. Wat betreft de noodslachtingen en kadavers worden nog steeds alleen dieren ouder dan 48 maanden getest. Van 1997 tot en met 2019 zijn in totaal 88 gevallen van BSE vastgesteld bij Nederlandse runderen. In 2010 waren de laatste drie gevallen van BSE. Dit was bij één slachtrund en twee kadavers.

Vanaf 2010 zijn er geen gevallen meer vastgesteld (Tabel 2.8.1). Voor Nederland geldt in 2019 nog steeds de meest gunstige risicostatus volgens de OIE en de EU; een verwaarloosbaar BSE-risico.

2.9 *Burkholderia mallei*

Ingrid Keur, Ingrid Friesema, Miriam Koene

Kwade droes of malleus (Engels: *glanders*), veroorzaakt door *B. mallei*, is een wettelijk bestrijdingsplichtige ziekte van paarden en paardachtigen, zoals ezels en muildieren. Andere diersoorten, zoals kamelen, zijn ook gevoelig. Geïnfecteerde dieren vertonen (hoge) koorts, verlies van eetlust en, afhankelijk van de plaats van besmetting (neus, longen en/of huid), verschijnselen zoals neusuitvloeiing, kortademigheid, hoesten en onderhuidse ontstekingshaarden.[29] Dit acute ziektebeeld wordt met name bij ezels en muildieren gezien. Bij paarden treedt meestal een chronisch

ziektebeeld op met algemene malaise en intermitterend hoesten. In beide gevallen is de ziekte meestal dodelijk.[30] Besmette dieren kunnen binnen enkele weken sterven, maar de ziekte kan ook chronisch worden, waarbij de bacteriën jarenlang kunnen worden verspreid. Ook mensen kunnen geïnfecteerd raken met de bacterie, hoewel dat zelden voorkomt. De verschijnselen zijn vaak aspecifiek: koortsperioden, hoofdpijn, moe, vergrote lymfeknopen en spierpijn.[31] Zonder tijdige antibioticumbehandeling kan de ziekte levensbedreigend zijn. Kwade droes komt in Nederland niet meer voor, maar is nog wel endemisch in landen in Zuid-Amerika, het Midden-Oosten en Azië. Wanneer paarden vanuit deze gebieden naar Nederland geïmporteerd worden, moeten zij vergezeld zijn van gezondheidscertificaten. Ook bij export van paarden vanuit Nederland wordt over het algemeen een vrijverklaring gevraagd gebaseerd op laboratoriumdiagnostiek (serologie). In 2019 zijn geen meldingen van verdenkingen van malleus bij de NVWA binnengekomen, als gevolg van een niet-negatieve serologische laboratoriumuitslag in het kader van exportdiagnostiek. De NVWA heeft wel naar aanleiding van een uitbraak van kwade droes in Koeweit dertien paarden getraceerd die recent naar Nederland waren geëxporteerd. Nader onderzoek uitgevoerd door de NVWA en WBVR heeft geen besmetting vastgesteld. In 2019 zijn geen humane gevallen gerapporteerd.

2.10 Campylobacteriose

Eelco Franz, Wilfrid van Pelt, Arno Swart, Ben Wit, Menno van der Voort, Roan Pijnacker, Ingrid Friesema, Mark den Hartog, Joke van der Giessen, Jaap Wagenaar, Bart Wullings, Max Heck, Lapo Mughini-Gras, Kees Veldman

Campylobacter spp. zijn een veel voorkomende oorzaak van maagdarminfecties. Infecties worden met name opgelopen door inname van besmet voedsel, contact met (feces van) besmette dieren of oppervlaktewater. Kruisbesmetting door onvoldoende keukenhygiëne, vooral met rauwe kip(producten), is een belangrijke oorzaak van het besmet raken van rauw te consumeren producten zoals groenten en rauwkost. Directe overdracht van mens op mens speelt slechts een zeer kleine rol. Het merendeel van de infecties verloopt asymptomatisch. Als er wel ziekteverschijnselen optreden, is dit met name door de ontstane gastro-enteritis, dat leidt tot buikpijn, diarree en/of bloed bij de ontlasting. Een griepachtig ziektebeeld kan hieraan voorafgaan. In de meeste gevallen stoppen de klachten vanzelf binnen een week. Bacteriemie is zeldzaam, evenals postinfectie reactieve artritis en het Guillain-Barré-syndroom (auto-immune reactie tegen perifere zenuwen).[32]

2.10.1 Humane campylobacteriose

Incidentele gevallen van humane campylobacteriose zijn, in tegenstelling tot in diverse andere Europese landen, in Nederland niet meldingsplichtig (zie paragraaf 2.2). Campylobacteriose is hier alleen meldingsplichtig indien het een humaan cluster van twee of meer gerelateerde gevallen betreft met een vermoedelijke oorsprong in consumptie van besmet voedsel of drinkwater. Inzicht in de trend van campylobacteriose werd tot en met 2018 verkregen via de laboratoriumsurveillance die door het RIVM-CIb sinds eind jaren negentig wordt uitgevoerd, met een geschatte dekkingsgraad van 52% van de Nederlandse bevolking (voor laboratorium-bevestigde campylobacteriose). Sinds 2019 wordt gebruikgemaakt van het Infectieziekten Surveillance Informatie Systeem voor Antibiotica Resistentie (ISIS-AR), dat gegevens over antibioticaresistentie (onder andere voor *Campylobacter* spp.) verzamelt van een groot aantal medisch-microbiologische laboratoria. ISIS-AR heeft een geschatte landelijke dekkingsgraad van 58% voor *Campylobacter* spp.

Sinds 2012 daalde het aantal humane infecties met *Campylobacter* gestaag in Nederland (Tabel 2.10.1), terwijl er in de jaren ervoor juist sprake was van een stijging. Er zijn aanwijzingen dat de stijging tot in 2011 en de kentering in 2012 samenhangt met de sterke stijging en daaropvolgende daling van het gebruik van maagzuurremmers in die periode.[33] In 2017 werd het laagste aantal laboratorium-bevestigde gevallen van campylobacteriose gevonden sinds het begin van de registratie in 1993. Het aantal steeg echter in 2018 en opnieuw in 2019, wat een kentering is sinds de daling vanaf 2011. Naar schatting waren er in 2019 landelijk 6.077 (vergeleken met 5.944 in 2018 en 5.557 in 2017) laboratorium-bevestigde gevallen van campylobacteriose, gebaseerd op 3.530 meldingen in ISIS-AR, met een dekkingsgraad van 58% (Tabel 2.10.1). Hiervan betrof 88% *Campylobacter* jejuni, 10% *Campylobacter* coli, en 2% was een ander of niet te bepalen *Campylobacter* species. Deze species-verdeling is vergelijkbaar met voorgaande jaren.

Aan de hand van diverse epidemiologische onderzoeken in de afgelopen twintig jaar kan op basis van de laboratorium-bevestigde gevallen geschat worden hoeveel mensen in de algemene bevolking acute gastro-enteritis krijgen door *Campylobacter*, daarmee naar de huisarts gaan, in het ziekenhuis belanden en komen te overlijden. Ook de ziektelast in verloren gezonde levensjaren, ook wel *Disability Adjusted Life Years* (DALY's), en kosten uitgedrukt in *Cost of Illness* (COI) kunnen zo geschat worden. Het aantal gevallen van acute gastro-enteritis door *Campylobacter*-infecties in de Nederlandse bevolking in 2019 wordt geschat op 72.967

(vergeleken met 71.246 in 2018 en 67.260 in 2017). Naar schatting resulteerden deze ziektegevallen (inclusief chronische complicaties) in 3.303 DALY's; de COI zou in 2019 neerkomen op € 62 miljoen, vergeleken met € 64 miljoen in 2018.[34] In Tabel 2.10.2 worden onder andere de DALY's en COI van *Campylobacter* vergeleken met die van *Salmonella*. De DALY en COI van *Campylobacter* en het aantal gevallen van acute gastro-enteritis zijn ongeveer drie keer zo hoog als van *Salmonella*; het aandeel ziekenhuisopnames is vergelijkbaar met *Salmonella*.

2.10.1.1 *Bronnen van besmetting*

Voor *Campylobacter* wordt geschat dat ongeveer de helft van de infecties die in Nederland opgelopen wordt direct via voedsel komt.[34, 35, 36] Andere manieren zijn door milieucontact en persoon-persoon-overdracht. Ongeveer 10% loopt de infectie op in het buitenland. Nederlandse bronattributiestudies, gebruikmakend van moleculaire typering, schatten dat de humane gevallen van campylobacteriose in 2002-2003 en 2010-2011 voor 60-70% kunnen worden toegerekend aan pluimvee, en voor 20-25% aan rund.[36, 37] Dit betreft de som van alle mogelijke transmissiewegen en niet alleen consumptie van besmet voedsel. Ook werd gevonden dat maximaal 40% van de humane gevallen is geassocieerd met het bereiden en/of consumeren van kippenvlees. Dat suggereert dat veel aan pluimvee gerelateerde *Campylobacter*-stammen mensen infecteren via andere routes, zoals het milieu.

In 2017 tot en met 2019 heeft het RIVM in samenwerking met de Universiteit Utrecht, *Wageningen Bioveterinary Research en Wageningen Environmental Research*, een ZonMw-gefinancierd onderzoeksproject uitgevoerd naar bronnen van *Campylobacter*-infecties in Nederland (genaamd 'DEPiCT'). Met behulp van microbiologische, moleculaire (WGS) en epidemiologische methoden, onderzocht dit project de oorsprong en verspreiding van *Campylobacter* in het milieu. Hierbij is ook gebruikgemaakt van *Campylobacter*-isolaten van runderen die verzameld zijn binnen bestaande surveillanceprogramma's door de *Wageningen Food*

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

	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019
Laboratorium- bevestigde gevallen	4.322	4.415	4.248	4.199	4.168	3.780	3.313	2.890	3.091	3.529
Gecorrigeerd voor dekkingsgraad	8.312	8.490	8.169	8.075	8.015	7.269	6.371	5.558	5.944	6.077
Campylobacter spp. gevallen / 100.00 inwoners	50,2	50,9	48,8	48,0	47,4	42,8	37,3	32,3	34,6	34,6
Geteste feces / 100.000 inwoners	1.368	1.413	1.412	1.412	1.519	1.704	1.754	1.702	1.795	[a]
Uitbraken (#gevallen)	17(66)	16(70)	14(70)	14(79)	5(11)	9(43)	9(65)	5(12)	[a]	7(17)

[a] Onbekend.

Tabel 2.10.2 Geschatte ziektelast in *Disability Adjusted Life Years* (DALY) en *Cost Of Illness* (COI) voor *Salmonella* en *Campylobacter*.

	Campylobacter			***Salmonella***		
	2017	2018	2019	2017	2018	2019
Algemene bevolking	67.260	71.246	72.967	27.440	26.545	25.971
Huisarts bezoek	16.350	17.475	17.701	4.130	3.954	3.838
Ziekenhuis opname	1.075	1.083	1.067	1.059	1.090	1.102
Sterfte	49	47	52	34	25	24
DALY (Totaal)	3.074	3.201	3.303	1.239	1.132	1.099
DALY (Voedsel)	1.291	1.345	1.387	675	614	599
COI (M€, Totaal)*	55	64	62	19	21	19
COI (M€, Voedsel)*	23	27	26	11	11	11

* verdisconteerd met 4%; uitgedrukt in de waarde van de Euro in 2018. M€= miljoen Euro

Safety Research (WFSR) in opdracht van de NVWA. Met behulp van bronattributie op basis van *core-genome Multilocus Sequence Typing* werd gevonden dat 48% van de humane campylobacteriose toegerekend kon worden aan pluimvee bedoeld voor vleesconsumptie. Dit bevestigt wederom dat pluimvee de belangrijkste bron is voor *Campylobacter*-infecties bij de mens. Dit percentage is lager dan voorheen, omdat hier aan meer bronnen geattribueerd wordt. Bijna een vijfde (18%) kon toegerekend worden aan gezelschapsdieren (honden en katten), hoewel onduidelijk was of huisdieren de bron waren van *Campylobacter*-infectie bij de mens, of dat mens en huisdier een gezamenlijke bron van infectie hadden. Rund was verantwoordelijk voor 12% van de humane *Campylobacter*-infecties, gevolgd door oppervlaktewater met 9%. Hoewel oppervlaktewater geen reservoir is voor *Campylobacter* spp. fungeert het wel als vergaarbak van *Campylobacter*-stammen uit verschillende bronnen. Hier vallen waarschijnlijk ook bronnen onder die niet zijn geïncludeerd in de analyse. Als laatste volgden kleine herkauwers (schapen en geiten) met 7%, legpluimvee (3%), vleeskalveren (2%), wilde vogels (0,4%) en varkens (0,1%).

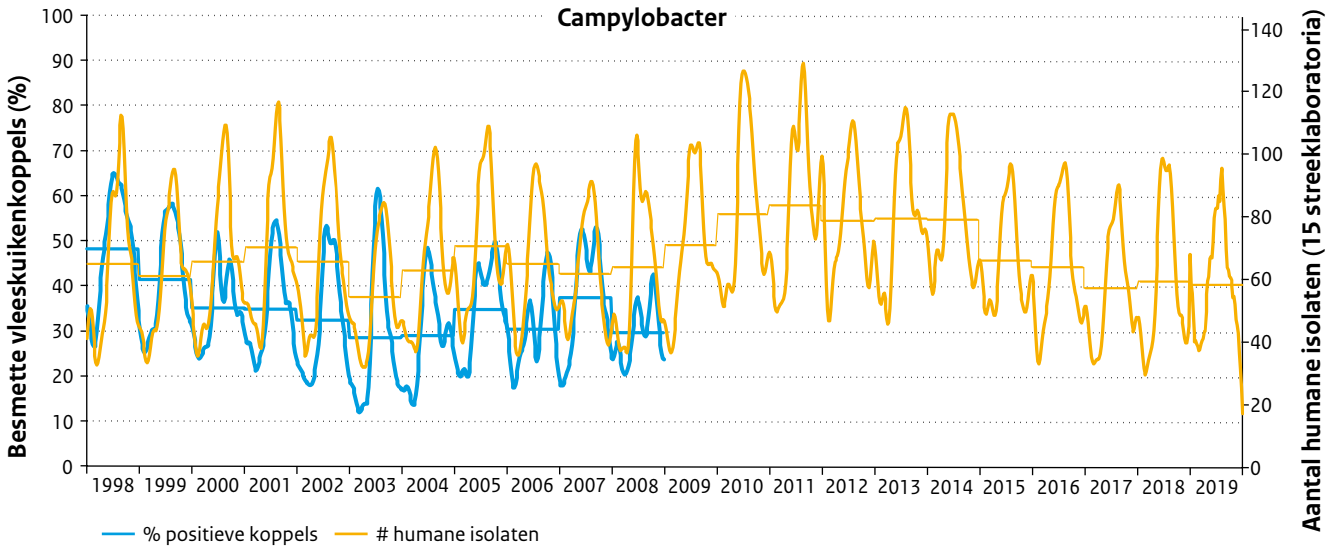
2.10.2 *Campylobacter* bij dieren en dierlijke producten

Naast surveillance van *Campylobacter* bij de mens heeft ook monitoring plaatsgevonden van koppels vleeskuikens op de boerderij (tot 2009), koppels vleeskuikens tijdens de slacht (ook tot 2009; Figuur 2.10.1), dierlijke producten in de detailhandel (Tabel 2.10.3) en feces van landbouwhuisdieren.

2.10.2.1 *Surveillance van pluimvee bij de slacht*

De *Campylobacter*-monitoring van de PVE vindt sinds 2009 niet meer plaats en is vervangen door een monitoringsprogramma van blindedarmmonsters en nekvelmonsters in de slachterij. Deze monitoring werd tot en met 2012 uitgevoerd in het kader van een convenant tussen VWS en NEPLUVI en was primair gericht op het bepalen van de variatie in besmettingsgraad (concentratie) en de hiervoor verantwoordelijke risicofactoren.[38, 39] Na afloop van het convenant is de bemonstering vanuit de pluimveeverwerkende sector voortgezet, en sinds 1 maart 2014 is er op vrijwillige basis een privaat proces-hygiënecriterium (PHC) ten aanzien van de besmetting van karkassen geïmplementeerd in pluimveeslachterijen.[40] Bij deze systematiek wordt verondersteld dat er een verband is tussen besmettingsniveaus van pluimveevlees (dus aantallen organismen, in plaats van percentage besmet vlees) en het humane gezondheidsrisico. Het zijn vooral – maar niet uitsluitend – de zeldzamere hoge besmettingsniveaus die tot ziekte leiden. Modelberekeningen laten zien dat een proces-hygiënecriterium effectief kan zijn om zulke hoge niveaus uit te sluiten voor consumptie.[40] Per 1 januari 2018 is een Europees proces-hygiënecriterium in werking getreden.[41] In de nieuwe EU-brede systematiek selecteert iedere slachterij wekelijks één koppel. Per bemonsteringsmoment moeten vijf mengmonsters worden gemaakt, van drie nekvellen per mengmonster. Deze nekvellen moeten steekproefsgewijs uit het koppel genomen worden. Het PHC schrijft voor dat in een periode van tien weken niet

Figuur 2.10.1 Rechter as: seizoens- en jaartrend (stappenlijn) van het wekelijks voorkomen van humane gevallen van campylobacteriose (Bron: surveillance in de voormalige streeklaboratoria, RIVM). Linker as: het percentage positieve vleeskuikenkoppels bij de slacht tot en met 2008 (Bron: monitoring PVE).



Tabel 2.10.3 *Campylobacter* spp. in vlees in de winkel en melktaps (Bron: Monitoringprogramma NVWA).

	2013		2014		2015		2016		2017		2018		2019	
	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +
Kip (vers)	602	31,6	589	27,0	597	34,5	207	37,2	233	34,8	295	37,6	237	32,9
Kip (bereiding)	598	11,2	635	15,4	683	20,9	268	19,8	255	30,2	300	27,7	294	34,7
Kalkoen (vers)	-	-	41	14,6	82	18,3	184	12,5	40	17,5	22	18,2	14	28,6
Kalkoen (bereiding)	-	-	9	0,0	12	8,3	67	4,5	12	25	4	25,0	5	20,0
Rund en Kalf	427	0,7	409	0,5	475	0,4	497	1,0	507	1,0	-	-	-	-
Varken	686	0,4	744	0,3	774	0,5	270	0,0	280	0,4	-	-	-	-
Lam	52	5,7	29	3,4	49	2,0	110	8,2	183	6,6	282	2,1	240	0,8
Schaap	-	-	-	-	-	-	28	10,7	5	0,0	1	0,0	-	-
Geit	-	-	-	-	-	-	26	7,7	8	0,0	4	0,0	4	0,0
Melk (melktaps)	-	-	-	-	-	-	36	0,0	-	-	100	0,0	104	1,0

n: aantal geteste monsters
%+: percentage positieve monsters

meer dan twintig mengmonsters van de vijftig boven de kritische grens van 1000 cfu/g mogen komen. Vanaf 1 januari 2020 is dit maximaal vijftien mengmonsters van de vijftig.[42] Aanvullend worden op de slachterij van ieder koppel monsters genomen uit tien blindedarmen gepoold in één mengmonster per analyse. Wanneer het PHC overschreden wordt, moet er volgens de wet verbetering van de hygiëne bij het slachten komen, of verbeterde bio-veiligheidsmaatregelen op de pluimveebedrijven worden uitgevoerd. Het is momenteel lastig om iets te zeggen over een trend, omdat de bemonsteringsmatrix medio mei 2017 overgegaan is van borstvel naar nekvel (wat typisch hoger besmet is). Resultaten van de bemonstering worden gepubliceerd op de NEPLUVI-website.[43]

De NEPLUVI-rapportage over 2019 laat zien dat inderdaad sinds mei 2017 hogere niveaus op nekvel zijn gevonden dan voorheen op borstvel.[38] Het is opvallend dat er, evenals in voorgaande jaren, grote verschillen zijn tussen de pluimveeslachterijen wat betreft de gevonden *Campylobacter*-niveaus. De data laten een duidelijke positieve relatie zien tussen het percentage positief aangevoerde koppels en het *Campylobacter*-niveau op de bemonsterde nekvellen. Het plan om in de toekomst de criteria verder aan te scherpen is ambitieus en zou uitgaande van de huidige situatie kunnen leiden tot een forse toename van het aantal overschrijdingen.

2.10.2.2 *Surveillance van dierlijke producten in de detailhandel*

Het percentage partijen vers kippenvlees, dat door de NVWA bemonsterd is in de detailhandel en dat *Campylobacter* bevat, varieerde tussen 2012 en 2019 sterk, tussen 27% en 38%. Het percentage is hoog, ook in 2019 en is over de afgelopen achttien jaar eerder gestegen dan gedaald (Tabel 2.10.3 toont alleen de laatste acht jaar). Ook lijkt er geen correlatie te zijn met het aantal bevestigde humane *Campylobacter*-infecties dat na een stijging tot 2011 alweer met ruim 30% is gedaald (Figuur 2.10.1 en Tabel 2.10.1). Op het pluimveevlees worden ook hoeveelheden van *Campylobacter* bepaald, en hieruit blijkt dat de besmetting meestal lage aantallen betreft, circa 2% van het kippenvlees bevat telbare hoeveelheden, 0,6% > 100 kve/g en 0,1% > 1000 kve/g (1/1563) en ook deze aantallen lijken de laatste jaren te dalen. Meer dan de helft van de humane *Campylobacter*-infecties worden via andere routes en/of levensmiddelen opgelopen. Bij bereidingen van pluimveevlees, bijvoorbeeld gekruid of gemarineerd, wordt *Campylobacter* in een significant lager percentage van de partijen gevonden dan vers pluimveevlees. De lagere percentages kunnen verklaard worden doordat bereidingen van pluimveevlees een intensievere bewerking ondergaan dan vers pluimveevlees en toevoegingen bevatten (zout/kruiden), waardoor *Campylobacter* mogelijk afsterft. De laatste drie jaar wordt in deze bereidingen weer een hoger besmettingspercentage gevonden. Bij kalkoen zijn, in tegenstelling tot kip, juist bereidingen waar een hogere besmettingsgraad wordt gevonden, maar de onderzochte aantallen zijn laag. In rauw vlees van andere diersoorten wordt veel minder, maar zeker niet verwaarloosbaar, *Campylobacter* gevonden (Tabel 2.10.3).

Vlees van rund en varken werd in 2019 niet onderzocht op *Campylobacter*.

Behalve in monitoringsprogramma's voor pathogenen in pluimveevlees en roodvlees, wordt incidenteel vlees van andere diersoorten en andere producten door de NVWA onderzocht. Omdat de consumptie van rauwe melk regelmatig in verband wordt gebracht met acute gastro-enteritis, zijn in 2019 steekproefsgewijs 104 melkmonsters van zogenoemde melktaps onderzocht; in één van deze melkmonsters werd *Campylobacter* aangetroffen.

In 2019 werden, voor het tweede achtereenvolgende jaar, rauwe groenten, salades en 'wokgroenten' onderzocht op het voorkomen van *Campylobacter*.

In deze producten wordt slechts zeer incidenteel *Campylobacter* aangetoond.

2.10.2.3 *Surveillance Landbouwhuisdierenproject*

In het kader van het gezamenlijke RIVM-NVWA-project 'Surveillance Landbouwhuisdieren' zijn in 2015 legpluimveebedrijven bezocht. In mest van 82% van de bedrijven werd *Campylobacter* gevonden.[44] In 2016 zijn melkproducerende geiten- en schapenbedrijven bezocht. Mest van deze bedrijven werd onderzocht op verschillende pathogene micro-organismen, waaronder thermofiele *Campylobacter* en *C. fetus*. Op 33% van 66 geiten- en 96% van veertien schapenbedrijven werd thermofiele *Campylobacter* aangetoond.[44] Het project was in 2017 gericht op bedrijven met vleesrunderen anders dan kalveren. In de stal of weiden werd mest verzameld en onderzocht, gemiddeld zes monsters

Tabel 2.10.4 Resistentie bij endemisch- en reisgerelateerde *C. jejuni* en *C. coli*, uit de streeklaboratoria (Bron: Laboratoriumsurveillance RIVM).

	2014-2019				2009-2013			
	C. jejuni		*C. coli*		*C. jejuni*		*C. coli*	
	n	R%	n	R%	n	R%	n	R%
Fluorquinolonen	9.037	60,9	782	69,1	8.703	55,4	717	56,5
Tetracycline	5.425	45,0	590	65,6	2.009	24,3	323	41,3
Erythromycine	333	2,2	202	18,0	438	2,9	181	14,6

	Campylobacter spp. (R%)					
	2014	2015	2016	2017	2018	2019
Fluorquinolonen	60,6	61,4	58,3	62,6	63,6	68,9
Tetracycline	43,9	42,3	42,0	47,6	50,2	54,4
Erythromycine	3,2	2,9	2,6	3,5	4,0	4,7

n: aantal geteste monsters

R%: percentage resistente isolaten

Tabel 2.10.5 Resistentie van *C. jejuni* en *C. coli* in feces monsters van slachtkuikens en kippenvlees in 2019 (Bron: MARAN).

	Campylobacter ***jejuni***		*Campylobacter* ***coli***	
	Vleeskuiken	Kippenvlees	Vleeskuiken	Kippenvlees
	n=188	n=109	n=94	n=40
Ciprofloxacine	69,7	67,0	80,9	85,0
Nalidixine zuur	67,6	67,0	80,9	85,0
Erythomycine	0,0	0,0	1,1	5,0
Gentamicine	0,0	0,0	0,0	0,0
Streptomycine	7,4	9,2	4,3	10,0
Tetracycline	64,4	57,8	73,4	57,5

per bedrijf. Bij 85% van de bedrijven (n=196) werd *Campylobacter* gevonden. Op monsterniveau (n=1147) was dit 57%.[45] In 2018-2019 werden in dit kader vleeskuikenbedrijven bezocht en in één of twee stallen mestmonsters onderzocht. Op 61 van 193 (31,6%) bedrijven werd *Campylobacter* aangetoond (92/369, 24,9% van de onderzochte stallen). Tevens werden 88 vleesvarkensbedrijven bezocht waar op 69 (78,4%) van de bedrijven *Campylobacter* werd aangetoond.

2.10.3 Resistentieontwikkeling

De MARAN-rapportage over 2019 beschrijft de resistentie in *Campylobacter*-isolaten tegen verschillende soorten antibiotica.[46] Humane *Campylobacter*-isolaten vertonen sinds 1992 een geleidelijke stijging in resistentie tegen fluoroquinolonen (norfloxacine, ofloxacine en ciprofloxacine). 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 (Tabel 2.10.4). 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. Resistentie tegen macroliden (zoals erythromycine: eerste keuzemiddel bij *Campylobacter*-infecties) ligt al lang op een laag niveau en toont nauwelijks verandering. Resistentie tegen macroliden is doorgaans meer voorkomend bij *C. coli* dan bij *C. jejuni*.

Tabel 2.10.5 laat zien dat resistentiepercentages voor *C. jejuni* bij in Nederland geproduceerd pluimvee vergelijkbaar zijn met de stammen die bij mensen worden geïsoleerd met hoge resistentiepercentages voor ciprofloxacine (69,7%) en tetracycline (64,4%).46 Erythromycine resistentie wordt bij landbouw-huisdieren vrijwel niet gevonden. Bij *C. coli* van pluimvee zijn de percentages net als bij de mens ook hoger dan voor *C. jejuni*, maar het verschil is nog groter. Met 9% campylobacteriose veroorzaakt door *C. coli* in de afgelopen twintig jaar, lijken deze cijfers minder van belang voor de volksgezondheid.

Aan de slachtlijn werden in 2019 ten behoeve van de resistentiemonitoring in totaal 692 blindedarmen onderzocht afkomstig van unieke koppels Nederlandse vleeskuikens. De monsters werden door de NVWA aan de slachtlijn verzameld en bij het WBVR onderzocht. In deze 692 blindedarmen is in totaal 188 keer *C. jejuni* (= 27,2%) en 94 keer *C. coli* (= 13.6%) gevonden. De resistentiecijfers van de hier verzamelde stammen staan in Tabel 2.10.5.

2.11 Echinokokkose

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

Echinokokkose is een parasitaire zoönose veroorzaakt door het larvale stadium van kleine lintwormen, die behoren tot het geslacht *Echinococcus*. Er zijn vier verschillende *Echinococcus*-soorten bekend: *E. granulosus* (kleine hondenlintworm), *E. multilocularis* (vossenlintworm), *E. oligarthrus* en *E. vogeli*. Alle *Echinococcus*-soorten hebben carnivoren als eindgastheer. In Europa komen *E. granulosus* en *E. multilocularis* voor. *E. granulosus* is een lintworm (2 tot 7 mm groot), die voorkomt in de dunne darm van honden en hondachtigen. *E. multilocularis* is een lintworm (1,5 tot 4,5 mm groot), die voorkomt in de dunne darm van wilde carnivoren, zoals vossen, wolven, wasbeerhonden, maar ook honden en katten.
Deze carnivoren zijn eindgastheer, dat wil zeggen dat zij het volwassen stadium van de lintworm in de darm hebben. In de feces kunnen eieren worden gevonden. Kleine knaagdieren zijn gewoonlijk de tussengastheren van *E. multilocularis*. *E. granulosus* senso lato vormt een complex, dat bestaat uit in elf verschillende genotypen, waarbij genotype 1-3 *E. granulosus* senso stricto wordt genoemd. *E. granulosus* ss (genotype 1) komt wereldwijd voor, vormt fertiele cysten bij met name schapen, is het meest pathogeen voor mensen en is endemisch in Europa rond het Middellandse Zeegebied. E. equi voorheen genotype 4 komt voor bij paarden en andere equidae, en zoönotische overdracht is vrijwel afwezig. *E. ortleppi*, voorheen genotype 5, vormt fertiele cysten bij met name rundvee, wordt nog zelden gevonden in Europa (ook Nederland) en er zijn sporadische gevallen bij de mens gerapporteerd. *E. canadensis* omvat het cluster met G6, voorkomend bij geiten en kamelen; G7/G9 bij varkens voorkomend in Oost-Europa, G8 en G10 bij hertachtigen waaronder rendieren. *E. felidae* (G11) komt voor bij katachtigen in Afrika. Mensen kunnen bij alle *Echinococcus* species ook tussengastheer zijn en zijn dan geïnfecteerd met het larvale stadium, de blaasworm.[52] De incubatietijd van deze lintworm-infecties is lang – gemiddeld tien jaar – tenzij de patiënt immuungecomprimeerd is; dan duurt het korter.

De ziekten die de *Echinococcus*-lintwormen veroorzaken worden hydatidose of cysteuze echinokokkose (*cystic echinococcosis* in het Engels) genoemd indien veroorzaakt door *E. granulosus sl*. en alveolaire echinokokkose indien veroorzaakt door *E. multilocularis*. Bij *E. granulosus*-infecties bij mensen ontstaan één of meerdere cysten bestaande uit met vocht gevulde blazen in de lever, longen of soms andere organen (cysteuze echinokokkose). Bij een deel van deze cysten zijn schotten zichtbaar en zijn er dochtercysten. De cysten

kunnen erg groot worden (> 20 cm) en mechanische klachten geven door verdringing van andere organen. Bij het openbarsten van een cyste kan een anafylactische shock ontstaan en kan de infectie zich in de buikholte of andere organen verspreiden.

E. multilocularis-infecties bij mensen presenteren zich heel anders: daarbij begint de larve bijna altijd in de lever en groeit als een gezwel door de lever naar andere organen. Er is meestal geen sprake van een cyste, maar een laesie die sterk aan een maligniteit doet denken, met verkalkingen, necrose, holten enzovoort. Afhankelijk van de locatie van de uitbreiding kunnen er klachten ontstaan (doorgroei in longen, bloedvaten of zenuwen).

E. vogeli en *E. oligarthrus* komen vooral in Latijns-Amerika voor. Van *E. oligarthrus* zijn verschillende eindgastheren, waaronder de poema (*Puma concolor*), bekend. Er zijn wereldwijd slechts enkele patiënten met een *E. oligarthrus* (unicysteuze echinokokkose) beschreven. De eindgastheer van *E. vogeli* is de boshond (*Speothos venaticus*) en de klinische presentatie een polycysteuze laesie. In 2013 werd de eerste importpatiënt in Nederland, afkomstig uit Suriname, beschreven met een *E. vogeli*-infectie.[47]

2.11.1 Echinokokkose bij dieren

2.11.1.1 *E. granulosus*

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

Blaaswormen bevinden zich bij runderen meestal in de lever, de longen of in beide organen. Detectie is afhankelijk van inspectie en palpatie tijdens de slacht. Wanneer bij slachtdieren een *Echinococcus*-verdachte cyste wordt vastgesteld, afhankelijk van de situatie, wordt deze microscopisch onderzocht en vervolgens met PCR geconfirmeerd door het NRL-P bij het RIVM. Van runderen en kleine herkauwers moeten, volgens de NVWA-werkvoorschriften en conform de EU-regelgeving (EU 2019/627), de ingewanden van borst- en buikholte worden afgekeurd voor humane consumptie wanneer er macroscopisch waarneembare blazen in één of meerdere organen aanwezig zijn. Voor menselijke consumptie bestemde organen van runderen zonder macroscopisch waarneembare besmetting met echinokokkose, maar afkomstig uit echinokokkose- risicolanden (Roemenië, Bulgarije en vanaf 2015 Hongarije) worden slechts geschikt verklaard voor menselijke consumptie onder voorwaarde dat ze een koudebehandeling ondergaan (-20°C gedurende minimaal twee dagen). Door de werkvoorschriften wordt getracht te voorkomen dat besmette (delen van) runderen in de voedselketen terechtkomen. Via honden die besmet vlees en organen rauw eten, zijn autochtone humane infecties mogelijk. Autochtone gevallen van *E. granulosus* komen sinds decennia niet meer voor in Nederland door goede slachthuisinspectie en hygiëne (destructie positieve organen) en introductie van commerciële voeders voor honden, die door voldoende behandeling geen risico vormen. Een mogelijk risico vormt de toenemende populariteit van rauwe verse orgaanvleesvoeding van onbekende oorsprong voor honden, zoals BARF (Bones and Raw Food) of KVV (Kant-en-klaar Vers Vlees). In 2015 zijn er bij de NVWA meerdere meldingen binnengekomen van verdenkingen van een besmetting met *E. granulosus* op slachthuizen. Dit betrof runderen die voor de slacht waren ingevoerd vanuit Roemenië, Tsjechië en Hongarije. Bij 40 van de 42 onderzochte runderen is toen een besmetting met *E. granulosus* door het RIVM bevestigd.[48, 49] In 2019 zijn door de NVWA geen echinokokkoseverdenkingen bij slachtdieren naar het NRL-P bij het RIVM gestuurd.

2.11.1.2 *E. multilocularis*

In Nederland is de vossenlintworm (*E. multilocularis*) voor het eerst in 1996-1997 aangetoond bij vossen in delen van Zuid-Limburg en Oost-Groningen.[50] Sindsdien verspreidt de parasiet in Limburg zich vanuit de zuidelijke regio in noordelijke richting. In de omgeving van Maastricht is in 2012-2013 een sterke toename van de prevalentie gevonden bij vossen.[51] De snelheid van de verspreiding van *E. multilocularis* in Nederland kan worden beïnvloed door de komst van nieuwe gastheren, zoals bijvoorbeeld de wasbeerhond (*Nyctereutes procyonoides*). Deze invasieve exoot wordt steeds vaker in Nederland gezien. In 2013-2014 zijn negen wasbeerhonden onderzocht op *E. multilocularis*. Met de sedimentatie-en-tel-methode waren ze allemaal negatief, maar met de Magnetic Capture Q-PCR voor *E. multilocularis* was één wasbeerhond herhaaldelijk positief, hoewel met een zwak signaal. De wasbeerhond werd gevonden in de provincie Flevoland, waar tot nu toe nog niet eerder *E. multilocularis* is gevonden.[52] In 2016-2017 is onderzoek bij vossen in Noordoost-Nederland (Groningen en Drenthe) uitgevoerd om meer inzicht te krijgen over het huidige verspreidingsgebied van *E. multilocularis* in het noorden van Nederland. Bij dit onderzoek zijn twee besmette vossen gevonden, maar er zijn, in tegenstelling tot Zuid-Nederland, geen aanwijzing dat de vossenlintworm verder

verspreid is buiten het bekende endemische gebied in Oost-Groningen.[53]

Het *Dutch Wildlife Health Centre* onderzoekt dode vossen als er een onbekende of verdachte doodsoorzaak is. De darmen van deze vossen worden verzameld en periodiek onderzocht door het RIVM op *E. multilocularis*. Begin 2019 is hierbij een besmetting bij een vos gevonden die eind 2017 op Terschelling was aangetroffen. Terschelling is vrij van vossen, dus deze vos is waarschijnlijk insleep geweest uit een ander gebied. Naar aanleiding van deze bevinding hebben DWHC, RIVM en de Nederlandse Jagersvereniging een oproep gedaan geen dode dieren te verslepen. Bij elf andere vossen uit 2019, afkomstig van verschillende regio's uit het land, is geen *E. multilocularis* gevonden. Daarnaast is in 2019 één wasbeerhond onderzocht op *E. multilocularis*. Deze wasbeerhond was negatief.

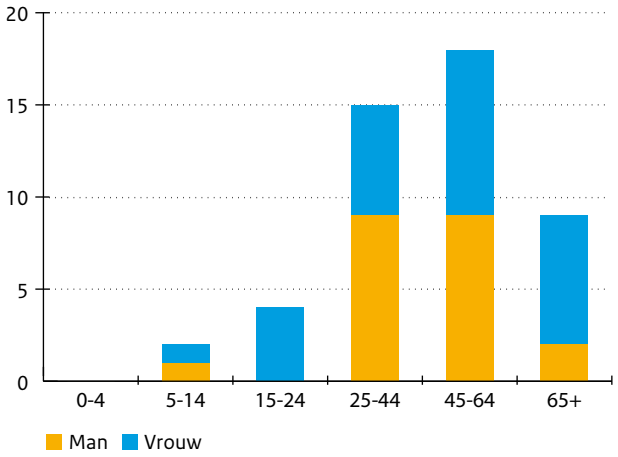
2.11.2 Echinokokkose bij mensen

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

In 2019 werd in totaal bij 48 nieuwe patiënten de diagnose *Echinococcus granulosus* vastgesteld (Figuur 2.11.1), waarvan er in ieder geval 45 uniek zijn; van drie zou het goed kunnen zijn dat ze in twee ziekenhuizen zijn getest. Geslacht, geboortejaar en geboortemaand komen overeen, maar er is geen naam of volledige geboortedatum bekend. Het betrof 21 mannen en 27 vrouwen, in leeftijd variërend van acht tot 84 jaar.

Er werd bij slechts één patiënt een serologische reactie gezien in de *E. multilocularis* ELISA, die echter niet kon worden bevestigd: het materiaal van cystevloeistof bleek in de PCR negatief. Ook de beeldvorming was niet passend bij een infectie met *E. multilocularis*. Voor een zekere diagnose is alleen serologie niet voldoende; daarvoor is of passende beeldvorming en anamnese en/of moleculaire detectie in cystemateriaal noodzakelijk.

Figuur 2.11.1 Nieuwe patienten met *E.granulosus* in 2019 in Nederland naar geslacht en leeftijd (Bron: Havenziekenhuis, LUMC, AMC, RIVM).



2.12 Leptospirose

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

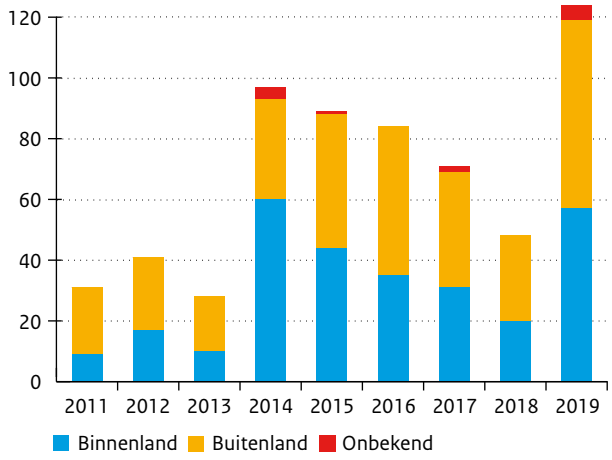
Leptospiren kunnen worden onderverdeeld in pathogene en niet-pathogene leptospiren. De niet-pathogene leptospiren (*Leptospira biflexa* sensu lato) komen van nature voor in water en modder. De pathogene leptospiren behoren tot het species *L. interrogans* sensu lato en kunnen leptospirose veroorzaken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

braken en verminderde urineproductie. Een ernstige vorm van leptospirose is ook bekend als de Ziekte van Weil.

2.12.1 Leptospiren bij mensen

Na een sterke toename van het aantal leptospirose-gevallen in 2014 (n=97) nam het aantal gevallen gradueel af, hoewel het boven het aantal bleef van vóór 2014. In 2019 werd echter weer een hoog aantal leptospirosegevallen gemeld, namelijk 124 (Figuur 2.12.1, Tabel 2.12.1). Een klein deel (n=3) hiervan kan verklaard worden door het toevoegen van de IgM-sneltest aan de meldcriteria aan het einde van 2019. Van de 124 gevallen hadden 57 (46%) de ziekte opgelopen in Nederland en 62 (50%) in het buitenland. Bij vijf gevallen was het land van besmetting onbekend. Zoals gebruikelijk bij ernstige leptospirose was het merendeel man (n=102, 82%). De mediane leeftijd was 42 jaar (spreiding 7 84 jaar) voor autochtone gevallen en dertig jaar (spreiding 6-69 jaar) voor geïmporteerde gevallen. In totaal werden 48 (86%) van de autochtone gevallen en 36 (63%) van de reisgerelateerde gevallen opgenomen in het ziekenhuis, waarvan respectievelijk 21 (38%) en zes (11%) op de intensive care. Eén patiënt die de infectie had opgelopen in Nederland overleed als gevolg van de ziekte.

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



In 2019 werd het merendeel van de autochtone gevallen ziek in de periode juli tot en met oktober (n=43, 75%). Er werd melding gemaakt van werkgerelateerde leptospirose bij 12/57 (21%) van de autochtone gevallen. Dit betrof bij allen werkzaamheden waarbij contact was met water/modder of uitwerpselen van ratten, waaronder medewerkers van agrarische bedrijven, hoveniers, een baggeraar, een jager, een medewerker van een dierentuin, een installateur en een zeilinstructeur. Besmetting vond, naast eerder genoemde werkgerelateerde activiteiten, voornamelijk plaats door zwemmen in oppervlaktewater, maar ook deelname aan *mud runs,* een triatlon en diverse watersporten. Bij 3/57 (5%) was er waarschijnlijk besmetting door diercontact en bij 8/57 (14%) was de bron van besmetting onbekend.

Onder Nederlandse reizigers werden 62 gevallen van leptospirose gerapporteerd in 2019. Het merendeel had de ziekte opgelopen in Zuidoost-Azië (n=40, 65%), voornamelijk in Thailand (n=26). Ook werd Centraal- en Zuid-Amerika (inclusief de Cariben) vaak genoemd (n=16, 26%). Alle importgevallen waarbij de bron van besmetting bekend was (n=56) liepen de ziekte op door contact met oppervlaktewater en modder.

Van de autochtone gevallen kon in zestien gevallen de vermoedelijk infecterende serogroep worden bepaald: Grippotyphosa (n=8), Icterohaemorrhagiae (n=7), Australis (n=1). Bij 22 autochtone patiënten waar geen serogroep van bepaald kon worden, was het wel mogelijk om op basis van een positieve PCR een uitspraak te doen over het *Leptospira*-species: 16/22 behoorden tot *Leptospira interrogans* sensu stricto, en 6/22 tot *Leptospira kirschneri* sensu stricto. In Nederland opgelopen infecties met *L. interrogans s.s.* wijzen meestal naar serogroep Icterohaemorrhagiae (bron ratten) en met *L. kirschneri s.s.* naar serogroep Grippotyphosa (bron muizen). Van de geïmporteerde gevallen kon voor 28 patiënten de vermoedelijk infecterende serogroep worden bepaald: Grippotyphosa (n=3), Icterohaemorrhagiae (n=4), Australis (n=3), Bataviae (n=3), Celledoni (n=1), Hebdomadis-Sejroe-Mini complex (n=8), Javanica (n=2), Pyrogenes (n=2), Javanica/ Celledoni (n=2).

2.12.2 Leptospiren bij dieren

Er komen in Nederland bij verschillende diersoorten *Leptospira* spp. voor. De meest pathogene voor mensen zijn *Leptospira* van de serogroep Icterohaemorrhagiae, die in ratten voorkomen en die de Ziekte van Weil kunnen veroorzaken. Van de serogroep Icterohaemorrhagiae worden zowel serovar Icterohaemorrhagiae en serovar Copenhageni gevonden. Naast ratten vormen ook muizen een reservoir voor *Leptospira* spp., vooral van de serogroep Grippotyphosa en Ballum. In het Themahoofdstuk van de *Staat van Zoönosen* 2016 is meer informatie te vinden over leptospirose in knaagdieren.[54]

In 2019 is in verschillende onderzoeken (opportunistisch) getest op *Leptospira* spp. Er zijn dertien bevers en 55 mollen getest, die allemaal negatief waren voor

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

	2013 n (%)	2014 n (%)	2015 n (%)	2016 n (%)	2017 n (%)	2018 n (%)	2019 n (%)
Aantal bevestigde patiënten	28	97	89	84	71	48	124
Aantal mannen	23 (82)	80 (82)	66 (74)	70 (83)	56 (79)	39 (81)	102 (82)
Infectie opgelopen in Nederland	10 (36)	60 (62)	44 (49)	35 (42)	31 (44)	20 (42)	57 (46)
Beroepsmatige infecties in Nederland	1 (4)	15 (15)	16 (18)	6 (7)	7 (10)	3 (6)	12 (21)
Infecties in Zuidoost Azië/Thailand	11 (39)	25 (26)	28 (31)	33 (39)	20 (28)	12 (25)	40 (32)
Serogroep*							
Icterohaemorrhagiae	5	10	16	11	6	11	12
Grippotyphosa		8	1	7	4	2	11
Javanica		3		1		2	2
Sejroe	2	3	2	2	1		
Sejroe/Hebdomadis/Mini complex		2	6	2		2	8
Mini		2	1	2	1		
Australis		2	2	1	2	2	4
Pyrogenes	2			3	3		2
Cynopteri		1					
Celledoni		1	1			1	1
Pomona		1	2	1		1	
Bataviae				3			3
Shermani				1	1	1	
Tarassovi					1		
Javanica/Celledoni							2
Onbekend	19	64	58	50	52	27	79

* Vermoedelijke serogroepen gebaseerd op de MAT

Leptospira spp. Daarnaast zijn er 152 bosmuizen, 38 rosse woelmuizen, 28 grote bosmuizen en twee veldmuizen getest, waarvan er drie bosmuizen, nul rosse woelmuizen, acht grote bosmuizen en één veldmuis positief waren voor *Leptospira* spp. De positieve muizen werden in drie van de vijf geteste gebieden gevonden. Ten slotte zijn 101 veldmuizen verzameld uit Friesland, waarvan er 45 positief waren.

In de jaren 2010-2013 betrof het aantal leptospirose infecties in honden gemiddeld 12% (17/146). In 2014 was sprake van een verheffing met 24% positieve honden; hierover is eerder bericht.[55] In de jaren 2015-2018 stabiliseerde het aantal infecties met gemiddeld 17% (45/270). In 2017 heeft het VMDC de diagnostiek voor leptospirose uitgebreid met een PCR naast de bestaande serologie (IgM/IgG ELISA). Dit heeft geleid tot een toename van het aantal onderzochte monsters. In 2019 is slechts 9% van de geteste honden positief bevonden. Dit percentage is alleen significant ($p < 0.05$) verschillend van 2014, het jaar van de verheffing. Het aantal positieve honden week met acht dieren niet af van voorgaande jaren (gemiddeld acht per jaar over 2010-2019), maar er zijn wel aanmerkelijk meer dieren getest: 21% meer dan in de jaren 2017-2018. Het is belangrijk om in ogenschouw te nemen dat het gaat om kleine aantallen positieve honden, dat niet bij iedere verdachte patiënt diagnostiek wordt ingezet door dierenartsen en dat het VMDC niet het enige laboratorium is dat leptospirosediagnostiek uitvoert bij honden. Conclusies over de exacte prevalentie in de Nederlandse hondenpopulatie zijn dan ook lastig te trekken.

2.13 Listeriose

Ingrid Friesema, Bart Wullings, Menno van der Voort

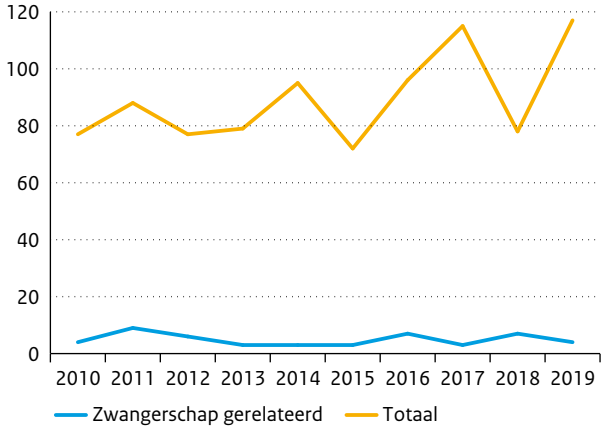
Listeria monocytogenes is een ubiquitair voorkomende bacterie die onder andere voorkomt in bodem, water, feces en op vegetatie. Veel dieren dragen *L. monocytogenes* in hun darmen bij zich en scheiden het uit via de feces. De bacterie kan ook bij lage temperaturen (vanaf 0°C) overleven en groeien. Niet goed geconserveerd kuilgras (pH te hoog) kan daardoor verontreinigd raken met een flinke hoeveelheid bacteriën en is daarmee een belangrijke bron van infectie voor met name (kleine) herkauwers. Consumptie van dit kuilvoer kan leiden tot een infectie die symptoomloos kan verlopen of kan leiden tot aantasting van de hersenen, en bij drachtige dieren van de vrucht. Lacterende dieren kunnen de bacteriën onder andere via de melk gaan uitscheiden. Van de herkauwers zijn vooral schapen en geiten gevoelig voor listeriose, maar ook bij runderen treedt regelmatig listeriose op. De dieren gaan rondjes lopen door eenzijdige hersenontsteking en bij drachtige ooien worden de vruchten verworpen. Klinische verschijnselen van listeriose zijn lang niet altijd heel duidelijk, maar bij meerdere gevallen in een koppel doen zich meestal bij een deel van de dieren wel de typische verschijnselen voor.[56]

Mensen raken vooral geïnfecteerd door de consumptie van met *Listeria monocytogenes* besmet voedsel, zoals rauwmelkse kazen, vleeswaren, rauwe, gerookte of gemarineerde vis, ongepasteuriseerde melk en kant-en-klare producten zoals sandwiches en voorverpakte salades. Ook kan bij de partushulp van met *Listeria monocytogenes* geïnfecteerd(e) vrucht(water) de infectie opgelopen worden. De meeste infecties met *Listeria monocytogenes* verlopen asymptomatisch of als een mild ziektebeeld met griepachtige verschijnselen. Bij personen met een verstoorde afweer verloopt de infectie vaak ernstiger. Er kan dan een gegeneraliseerde infectie ontstaan met bacteriëmie, meningitis of meningo-encefalitis, evenals peritonitis, bot- en gewrichtsinfecties, peri- of endocarditis en sepsis. Bij zwangeren kan de infectie leiden tot intra-uteriene vruchtdood en vroeggeboorte, waarbij de vrouwen zelf geen ziekteverschijnselen hoeven te vertonen. Contact met geïnfecteerd(e) vrucht(water) kan onder andere ook tot huidinfecties leiden.[57]

2.13.1 Listeriose bij mensen

Sinds 2005 bestaat een geïntensiveerde surveillance van *Listeria monocytogenes* in Nederland. Vanaf 2006 worden daarbij ook de resultaten van de voedselmonitoring door de NVWA betrokken. In december 2008 is listeriose opgenomen in de lijst van meldingsplichtige ziekten bij de mens. In 2019 werden 117 patiënten gemeld (Figuur 2.13.1), waarvan 110 via de aangifte. Dit komt overeen met een incidentie van 6,8 ziektegevallen per miljoen inwoners per jaar in Nederland. Deze incidentie werd ook gezien in 2017 en is de hoogste incidentie sinds de invoering van de meldingsplicht eind 2008.

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

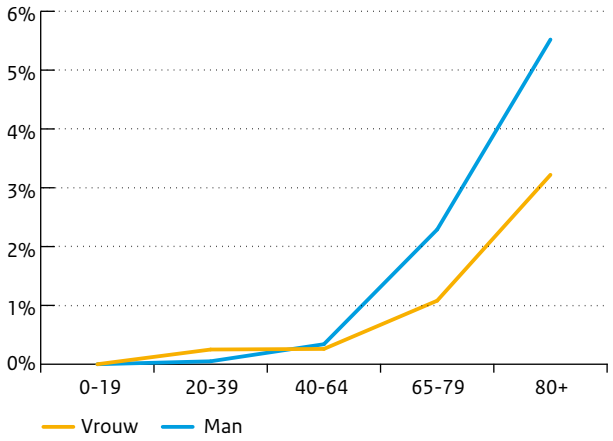


Vier patiënten (3%) waren in 2019 zwanger ten tijde van de *Listeria*-infectie. Drie baby's ontwikkelden sepsis en één baby sepsis en meningitis. Vijftien volwassen patiënten in de leeftijd van 57 tot 94 jaar overleden. Het sterftepercentage in 2019 onder gemelde patiënten met listeriose (exclusief zwangerschapsgerelateerde sterfte onder baby's) was 14%. Het sterftepercentage varieert sterk door de jaren heen en was het hoogst in 2006 (31%) en het laagst in 2011 (5%). Gemiddeld stierf 13% van de gemelde volwassen patiënten (2005-2018). De incidentie, berekend over 2015-2019, stijgt met de leeftijd, met uitzondering van een lichte piek voor vrouwen in de leeftijd van 20-39 jaar, die voornamelijk zwangere vrouwen betreft (Figuur 2.13.2). Boven de 65 jaar is de incidentie hoger onder mannen dan onder vrouwen.

Alleen van de officieel gemelde patiënten zijn extra gegevens bekend. In 2019 hadden drie patiënten (3%) geen onderliggend lijden en gebruikten geen immunosuppressiva of maagzuurremmers. Meningitis (27%) was het meest voorkomende ziektebeeld, gevolgd door sepsis (23%), maagdarminfectie (12%) en longontsteking (8%). Waar vorig jaar vrijwel alle vleesproducten door meer dan 20% van de patiënten waren gegeten, gold dat in 2019 alleen voor worst/worstjes (44%), gekookte/gerookte ham (39%) en kip/kalkoen-vleeswaren (39%). De meest opvallende stijger

ten opzichte van 2015-2018 was gerookte paling (20% versus 5-13%).

Figuur 2.13.2 Incidentie per 100.000 inwoners, per leeftijdsgroep en geslacht, 2015-2019.



Van 103 patiënten is het isolaat door het NRBM geserotypeerd en daarna doorgestuurd naar het RIVM voor sequencing. De meeste patiënten bleken geïnfecteerd met *L. monocytogenes* serotype 4b (50%), 1/2a (42%), of 1/2b (5%). Serotype 1/2c werd driemaal aangetoond. In 2019 clusterden, op basis van de WGS-data, 48 van de 103 humane isolaten met andere isolaten, verspreid over in totaal twintig geïdentificeerde clusters. In totaal 35 patiënten waarvan 21 patiënten uit 2019 behoorden tot de landelijke uitbraak gelinkt aan vleeswaren bewerkt in een vleesverwerkingsbedrijf. Daarnaast werden nog tien andere humaan-voedsel-clusters geïdentificeerd met één tot drie humane isolaten uit 2019, met in zes clusters ook humane isolaten uit eerdere jaren. Bij de vijf clusters met twee of drie patiënten was er contact tussen RIVM en NVWA en leidde dit tot contact tussen NVWA en het bedrijf waar de voedsel-isolaten van afkomstig waren. Ten slotte was er één humaan cluster van twee patiënten uit 2019 en één patiënt uit 2017 en waren er acht humane isolaten die elk met één tot negen humane isolaten uit voorgaande jaren (2010-2018) clusterden.

2.13.2 *Listeria* in voedsel

In Europa is het terugdringen van het aantal gevallen van listeriose een speerpunt. Aangezien de mens voornamelijk door levensmiddelen aan *Listeria* wordt blootgesteld, zijn er op Europees niveau wettelijke normen voor *L. monocytogenes* opgesteld voor kant-en-klare levensmiddelen (inclusief zuigelingenvoeding en voeding voor medisch gebruik). Deze normen zijn vastgelegd in Verordening (EG) nr. 2073/2005.[58] Algemeen geldt een norm van ≤ 100 kve/gram gedurende de gehele houdbaarheid van het product en in bijzondere gevallen geldt afwezigheid in 25 gram direct na productie. Voor zuigelingenvoeding en voeding voor medisch gebruik geldt de eis van afwezigheid in 25 gram. De NVWA doet jaarlijks onderzoek naar het voorkomen van *L. monocytogenes* in levensmiddelen. De nadruk ligt hierbij op langer houdbare (> vijf dagen), koelverse levensmiddelen, die na eventuele verhitting nog een extra bereidingsstap hebben ondergaan, zoals snijden. In 2019 onderzocht de *Wageningen Food Safety Research* (WFSR) in opdracht van de NVWA circa 3400 (partijen van) levensmiddelen kwantitatief en 2700 monsters kwalitatief op aanwezigheid van *L. monocytogenes*. Hieruit zijn 167 isolaten verkregen, waarbij 98% van de isolaten is verkregen met de kwalitatieve methode (waarbij aan- of afwezigheid wordt aangetoond in 25 g). De herkomst van de isolaten is als volgt: 49 uit visproducten (23 zalm, vijftien forel, zeven haring, twee makreel, twee garnalen), 58 uit vers pluimveevlees (56 kip, twee kalkoen), 24 uit vers rundvlees, 28 vleesbereidingen rauw te consumeren (veertien filet americain), één uit exotische vleesmonsters (kangoeroe) en vijf uit import-pluimveemonsters. Daarnaast zijn er twee isolaten verkregen uit rauwe melk uit monsters aangeleverd door Stichting Centraal Orgaan voor Kwaliteitsaangelegenheden in de Zuivel (COKZ).

2.14 Orthohantavirus

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

Orthohantavirussen (voormalige naam: hantavirussen[59]) circuleren in specifieke knaagdier- en insectivoorgastheren. In Nederland is de circulatie van drie typen orthohantavirussen aangetoond in knaagdieren: in rosse woelmuizen (*Myodes glareolus*) is puumala-virus (PUUV) gevonden, in veldmuizen (*Microtus arvalis*) tulavirus (TULV) en in bruine ratten (*Rattus norvegicus*) is seoulvirus (SEOV), voor het eerst in 2015, beschreven.[60] In andere Europese landen circuleren nog andere orthohantavirussen, zoals in onder meer Oost-Duitsland het Dobrava-Belgradevirus (DOBV, vier verschillende genotypen met allemaal hun eigen specifieke gastheer). De meerderheid van de humane gevallen in Europa wordt veroorzaakt door PUUV.[61] Geïnfecteerde dieren kunnen het virus tot acht maanden uitscheiden via feces, urine en speeksel. Mensen kunnen besmet raken door het inademen van virusdeeltjes in opdwarrelend stof met excreta van besmette dieren.

Orthohantavirussen kunnen twee verschillende ziektebeelden veroorzaken bij de mens: hemorragische koorts met renaal syndroom (HKRS) in Europa en

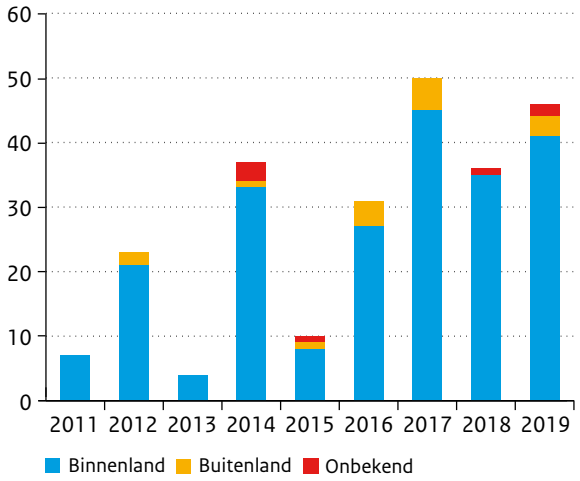
Azië en orthohantavirus (cardio)pulmonaal syndroom (HPS) in Amerika. Het belangrijkste klinische syndroom in Nederland is nefropathia epidemica (NE), een milde vorm van HKRS die wordt veroorzaakt door PUUV. Een belangrijk punt bij de diagnostiek voor PUUV en andere milde orthohantavirusinfecties is dat de viremische fase erg kort is en de titer van het virus vaak laag. Hierdoor kan het virus of zijn RNA gemist worden, en men is daarom aangewezen op serologie. Orthohantavirusdiagnostiek kan bij het RIVM, LabMicTA en Erasmus MC worden uitgevoerd. Orthohantavirusinfecties zijn meldingsplichtig in Nederland sinds december 2008 (zie paragraaf 2.2).

2.14.1 Orthohantavirus-infecties bij mensen

In de periode 2014 tot en met 2018 werden gemiddeld 33 patiënten gemeld in Osiris met een orthohantavirusinfectie, met een spreiding van 10-50 patiënten (Figuur 2.14.1). Het merendeel was man (72%) en de mediane leeftijd was 48 jaar (spreiding 15-78 jaar). Bijna alle patiënten (90%) hadden de infectie opgelopen in Nederland en waren in het ziekenhuis opgenomen (84%). Van de patiënten die opgenomen waren in het ziekenhuis had een deel een nierdialyse nodig (4%). In 2016 werd voor het eerst een autochtone infectie met Seoul orthohantavirus vastgesteld bij een man die de infectie zeer waarschijnlijk opgelopen had via contact met ratten die hij hield als voer voor zijn reptielen. In 2017 werden nog eens drie patiënten met SEOV gediagnosticeerd, waarvan twee waarschijnlijk door voederratten en de derde door ratten die als huisdier werden gehouden. In 2018 werd een vijfde patiënt met SEOV gediagnosticeerd die de ziekte opliep na contact met twee ratten die als huisdier werden gehouden. Het klinisch beeld van de Seoulvirus-patiënten bestond uit koorts, braken, diarree en algehele malaise. Opvallend is dat alle patiënten een leverontsteking hadden doorgemaakt, wat duidelijk afwijkt van de PUUV-patiënten.

In 2019 werden 46 patiënten met orthohantavirusinfecties gemeld, wat binnen de spreiding van afgelopen jaren ligt (Figuur 2.14.1). Meldingen waren afkomstig uit zeven verschillende GGD-regio's. Het merendeel werd gemeld door GGD-regio Twente (n=23) en GGD-regio Brabant Zuid-Oost (n=9). Dit zijn bekende endemische gebieden voor het orthohantavirus. De eerste ziektedagen lagen verspreid over het gehele jaar, met een piek in mei tot en met juni. Het betrof elf vrouwen en 35 mannen met een mediane leeftijd van 52 jaar (spreiding: 16-78 jaar). Hiervan waren 41 (89%) opgenomen in het ziekenhuis, waarvan één patiënt (2%) een nierdialyse nodig had. Het merendeel van de patiënten (n=41, 89%) had de infectie opgelopen in Nederland. Twee patiënten hadden de infectie opgelopen in Duitsland en één in Frankrijk. Bij twee patiënten was het land van besmetting onbekend. Als mogelijke bron van besmetting werd vaak de eigen tuin, (schoonvegen van) een ruimte die lange tijd leegstond zoals een schuur, kelder, zolder of stal, of het opruimen van muizenuitwerpselen genoemd. In 2019 werd geen patiënt gediagnosticeerd met SEOV.

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



2.14.2 Orthohantavirus bij dieren

In 2019 is in verschillende onderzoeken (opportunistisch) getest op orthohantavirus. Er zijn dertien bevers getest, die allemaal negatief waren. Daarnaast zijn er 152 bosmuizen, 38 rosse woelmuizen, 28 grote bosmuizen en twee veldmuizen getest uit vijf regio's uit Nederland, waarvan er twee rosse woelmuizen, afkomstig van dezelfde locatie, positief waren voor orthohantavirus. Ten slotte zijn 101 veldmuizen verzameld uit Friesland, waarvan er 32 positief waren.
Er zijn ook 55 mollen (behorende tot de orde insecteneters) getest, waarvan er 26 positief waren voor orthohantavirus. Het betrof 25 mollen met Nova orthohantavirus en één mol met Bruges orthohantavirus. Deze twee typen orthohantavirus zijn al eerder in België en andere Europese landen aangetroffen, maar niet eerder in Nederland. Het zoönotisch risico van deze orthohantavirussen lijkt vooralsnog beperkt. De NVWA heeft in 2019 geen orthohantavirusinfecties bij dieren vastgesteld.

2.15 Psittacose

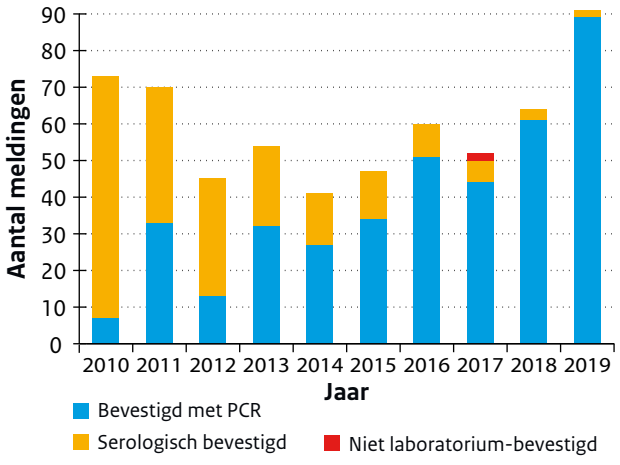
Ingrid Keur, Frederika Dijkstra, Edou Heddema,Margreet te Wierik, Joke van der Giessen, Mauro De Rosa, Marloes Heijne

Psittacose is een respiratoire infectieziekte met een variabele presentatie, veroorzaakt door *Chlamydia psittaci*. De infectie kan symptoomloos verlopen, maar kan zich ook uiten als griepachtig ziektebeeld met koorts, hevige hoofdpijn, spierpijn, hoesten, rillerigheid en zweten. Ook kan het zich presenteren in ernstige vorm als pneumonie of als een septisch ziektebeeld met multi-orgaanfalen. Psittacose wordt ook wel ornithose of papegaaienziekte genoemd en is humaan en veterinair meldingsplichtig, veterinair alleen bij vogels met uitzondering van pluimvee (zie paragraaf 2.2).
Het genus *Chlamydia* werd een tijd opgedeeld in twee genera, *Chlamydia* en *Chlamydophila*, maar sinds 2015 is deze opsplitsing weer ongedaan gemaakt.[62,63]

2.15.1 Humane situatie

Het aantal meldingen van psittacose in 2019 bedroeg 91. Dit aantal is een behoorlijke toename ten opzichte van de jaren 2017 (n=52) en 2018 (n=64) (Figuur 2.15.1). Deze toename hangt samen met een verheffing van het aantal meldingen in het najaar en de winter van 2019/2020, die in Hoofdstuk 3 (pag. 69) beschreven wordt. De mediane leeftijd van de patiënten in 2019 was 65 jaar en daarmee gelijk aan 2018 (Tabel 2.15.1). Evenals in voorgaande jaren werden de meeste patiënten opgenomen in het ziekenhuis (94%). Dit hangt overigens samen met het feit dat doorgaans alleen in meer ernstige zieke patiënten gestreefd wordt naar een etiologische diagnose (met laboratorium-diagnostiek) en/of wanneer de empirische behandeling niet aanslaat. De gemelde patiënten zijn wat betreft ernst dus een selectieve groep ('topje van de ijsberg').

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



2.15.1.1 *Diagnostiek*

In 2019 werd bij bijna alle gemelde patiënten (98%) de diagnose gesteld met PCR (Tabel 2.15.1). Dit is gunstig, want met PCR kan de diagnose sneller gesteld worden dan met behulp van serologische diagnostiek. Bij serologische diagnostiek is volgens de huidige meldingscriteria een meervoudige titerstijging vereist en is dus tweemaal bloedafname met een tussenpoos van enkele weken nodig.[64] Snellere diagnostiek, zoals met PCR,[65] kan de bronopsporing bevorderen en is positief voor de patiënt, omdat de juiste antibiotica-cumbehandeling daarmee mogelijk eerder ingezet kan worden. Op materiaal van patiënten bij wie de diagnose gesteld is met behulp van PCR kan bovendien genotypering uitgevoerd worden.

2.15.1.2 *Genotypering*

Om meer zicht te krijgen op de genotypen van *C. psittaci* die een rol spelen bij transmissie naar de mens, kan sinds eind augustus 2012 op diagnostisch materiaal van psittacosepatiënten genotypering gedaan worden in het ZuyderlandMC in Sittard Geleen/Heerlen. De genoyperingsmethode (*OmpA*-genotypering) kan minstens negen genotypen van *C. psittaci* onderscheiden (A tot en met F, E/B, M56 en WC) die een min of meer vogelsoortafhankelijk voorkomen hebben.66 In 2019 ontving Zuyderland MC materiaal van 75 van de 91 patiënten (82%) van wie geschikt diagnostisch materiaal beschikbaar was, dat wil zeggen degenen bij wie de diagnose vastgesteld was met PCR (Tabel 2.15.2).
Net als in de voorgaande jaren kwamen genotype A (voornamelijk, maar niet uitsluitend, geassocieerd met papegaaiachtigen) en genotype B (geassocieerd met duiven) het meest voor, namelijk in respectievelijk 48% en 25% van de gevallen. Verder toonde de genotypering bij vijf patiënten een relatief nieuw *C. Psittaci*-genotype aan, vergelijkbaar met genotype B en E, bij twee patiënten een onbekend *C. Psittaci*-genotype meest gelijkend op genotype A (1 SNP verschil) en bij twee patiënten genotype C. Daarnaast kunnen nauw verwante *Chlamydia*-species via de typering herkend worden.
Op die manier werden er in 2019 twee patiënten met een *C. caviae*-infectie aangetoond (een andere zoönistische *Chlamydia*soort, zie paragraaf 2.15.3 voor meer uitleg).

2.15.1.3 *Besmettingsbronnen*

Bij 78 van de 91 (86%) meldingen werd door de GGD tenminste één mogelijke locatie van besmetting gerapporteerd, bij de overige meldingen bleef een mogelijke bron onbekend. De thuissituatie was in 2019 net als in voorgaande jaren de meest gerapporteerde mogelijke locatie van besmetting (Tabel 2.15.3). Deze locatie werd in 2019 aanzienlijk vaker gerapporteerd dan in 2018 (55% in 2018 versus 81% in 2019). Vogel- en dierenwinkels werden juist minder vaak gerapporteerd

als mogelijke locatie van besmetting vergeleken met 2018 (20% in 2018 versus 14% in 2019).

Bij 69 meldingen was minimaal één diersoort gerapporteerd als mogelijke besmettingsbron. Papegaaiachtigen (39%) en duiven (38%) waren in 2019 de meest gerapporteerde vogelsoorten. Ook wilde vogels werden vaak als mogelijke bron gerapporteerd (42%).

2.15.1.4 *Bemonsteringsresultaten*

In overleg tussen de NVWA en de GGD wordt bekeken of er aanknopingspunten zijn voor bemonstering van mogelijke bronlocaties en wordt besloten of dit wel of niet relevant en haalbaar is. Naar aanleiding van 32 humane meldingen werd bronbemonstering verricht door de NVWA. Het betrof 36 mogelijke bronlocaties. Elf mogelijke bronlocaties testten positief (31%). Bij tien locaties werd genotypering van *C. psittaci*-positief materiaal uit veterinaire monsters verricht. Acht positief geteste locaties hadden een genotypische match met materiaal van de bijbehorende patiënt(en). Bij drie locaties ging het om genotype A en bij vijf locaties ging het om genotype B. Bij één locatie was er sprake van een genotypische mismatch met materiaal van de bijbehorende patiënt (genotype B aangetroffen op de locatie en genotype A gevonden bij de patiënt). Verder was er bij één locatie geen genotypische vergelijking mogelijk doordat er bij ZuyderlandMC geen materiaal van de bijbehorende patiënt was ontvangen. Voor 23 van de in totaal 91 gemelde patiënten (25%) gaf de GGD

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

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

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

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

Tabel 2.15.2 Resultaten genotypering.[a]

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

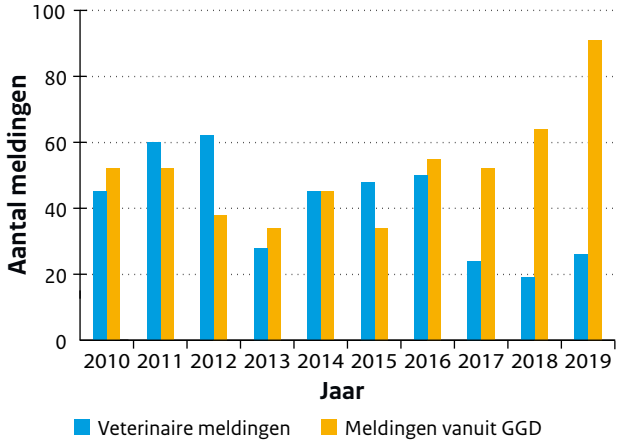
a In de tabel is aantal patiënten dat in aanmerking kwam voor genotypering (berekend als de som van het aantal met PCR bevestigde patiënten en het aantal patiënten van wie materiaal voor genotypering was ontvangen ondanks dat gerapporteerd was dat de diagnose op basis van serologische diagnostiek gesteld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

als eindconclusie aan dat een waarschijnlijke bron kon worden aangewezen. Dit impliceert dat naar het oordeel van de GGD de bronopsporing bij ongeveer een kwart van de patiënten succesvol is geweest.

2.15.2 *Chlamydia psittaci* bij dieren

De meldingsplicht voor psittacose volgens de Gezondheids- en welzijnswet voor dieren (Gwwd) geldt voor vogels niet zijnde pluimvee. Deze veterinaire meldingen bij vogels komen bij de NVWA binnen via dierenartspraktijken, veterinaire laboratoria of vogelhouders. In 2017 en 2018 is dit aantal meldingen opvallend gedaald, terwijl het aantal humane meldingen nagenoeg gelijk is gebleven (Figuur 2.15.2). Dit jaar (2019) is het aantal veterinaire meldingen weer licht gestegen. In 2019 zijn 26 veterinaire meldingen bij de NVWA binnengekomen met betrekking tot psittacose, waaronder klinisch zieke vogels (zeven) en positieve laboratoriumuitslagen van vogels (19).

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



Van de 26 veterinaire meldingen werd 24 maal de locatie bezocht en zijn de verdachte vogels bemonsterd, waarbij cloacaswabs en/of mestmonsters zijn genomen. In negen gevallen was de verdachte vogel nog niet behandeld met een antibioticum en bij drie van deze

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

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

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

gevallen is *C. Psittaci*-DNA aangetoond. Bij veertien andere meldingen was er door de praktijkdierenarts bij de verdachte vogels reeds een behandeling met een antibioticum ingezet. Vogels die erg ziek zijn of die positief testen, mogen behandeld worden met een antibioticum. De vogels zijn in deze veertien gevallen na de behandeling door de NVWA bemonsterd. In twee van de veertien gevallen werd het DNA van de bacterie alsnog aangetoond en volgde een nieuwe behandelronde met nacontrole door de NVWA. Ten slotte bleek bij één melding de vogel reeds te zijn overleden. In het materiaal van de overleden vogel en in de monsters van de nog aanwezige hokgenoten werd geen DNA van de bacterie aangetoond.
De NVWA probeert voor een recent aangekochte positieve vogel de herkomstlocatie te traceren en deze locatie te bezoeken. Dit is niet altijd mogelijk door het ontbreken van een verplichte registratie en identificatie van de meeste soorten vogels. Er zijn in 2019 vier casussen geregistreerd in verband met tracering. In één van de vier gevallen kon op de herkomstlocatie ook het DNA van de bacterie aangetoond worden. Genotypering van het *C. psittaci*-positief materiaal uit veterinaire NVWA-monsters (zes) toonde viermaal genotype A aan, eenmaal genotype B en eenmaal was het monster ongeschikt voor verdere typering.

Naast de veterinaire meldingen ontving de NVWA ook meldingen van de GGD waarbij de NVWA verzocht werd bronopsporing uit te voeren om de bron van een humane besmetting te achterhalen. De resultaten staan beschreven onder 2.15.1.4. Daarnaast heeft de NVWA drie meldingen van particulieren binnengekregen van personen die ziek zijn geworden na contact met vogels. De humane patiënten waren ten tijde van de melding niet bevestigd voor psittacose, maar de NVWA heeft uit voorzorg wel op twee locaties de aanwezige vogels onderzocht. Bij deze vogels werd geen *C. psittaci* aangetoond.

2.15.3 Andere mogelijk zoönotische *Chlamydia*-soorten

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

C. psittaci moeten beschouwd worden als casussen die toevalligerwijs aan het licht zijn gekomen als 'bijvangst' van de psittacosesurveillance en -bestrijding.

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

Chlamydia abortus komt voor bij kleine herkauwers waarbij het een belangrijke oorzaak is van infectieuze abortus. Bij mensen kan een infectie met *C. abortus* leiden tot ernstige ziekte (pneumonie) en miskramen bij zwangere vrouwen. Hoewel veel Nederlandse schapen- en geitenbedrijven besmet zijn, wordt *C. abortus* zelden bij mensen gediagnosticeerd. Het wordt beschouwd als een zoönose met een verwaarloosbaar risico voor de volksgezondheid.[67]

Chlamydia caviae kan bij cavia's leiden tot conjunctivitis. Bij een beperkt aantal mensen in Nederland met longontsteking (zeven sinds 2013) is een infectie met *C. caviae* beschreven.[68] Omdat *C. caviae* tot 1999 geen aparte species was, maar *C. psittaci* werd genoemd, is het niet aan te geven of longontstekingen door *C. caviae* in het verleden zijn benoemd als psittacose.

Van de sinds 2014 erkende soorten *C. avium* (voorkomend bij papegaaiachtigen en duiven) en *C. gallinacea* (voorkomend bij kippen, kalkoenen, hoenderachtigen en eenden) is nog niet uitgesloten dat ze zoönotisch zijn. Beide soorten zijn in Nederland aangetoond.[69] Een complicerende factor om vast te stellen of beide soorten een zoönotisch potentieel hebben, is dat binnen huidige humane diagnostiek *C. avium* en *C. gallinacea* gemist worden met de doorgaans gebruikte PCR-testen.

C. felis is een belangrijke oorzaak van conjunctivitis bij katten, maar ziektegevallen bij mensen zijn zeldzaam.[70] In 2017 is via de psittacosesurveillance in Osiris een humane casus van *C. felis* gemeld. Deze casus werd in de *Staat van Zoönosen* 2017 uitgebreider beschreven.[71]

C. muridarum wordt gebruikt in muismodellen voor humane *C. Trachomatis*-infecties. Het kan respiratoire klachten veroorzaken bij muizen en hamsters en is zover bekend niet zoönotisch.[72]

C. suis komt vooral asymptomatisch bij varkens voor, maar wordt ook gerelateerd aan onder andere conjunctivitis en vruchtbaarheidsstoornissen.[70] Van *C. suis* zijn geen beschrijvingen of literatuurreferenties bekend die duiden op een mogelijk zoönotisch potentieel, maar er is tot nu toe relatief weinig onderzoek naar gedaan. Een onderzoek bij slachthuismedewerkers toonde *C. suis* aan in conjunctiva-swabs, maar zonder een link met ziekte.[73]

C. pecorum komt net als *C. suis* veelal asymptomatisch voor bij zowel varkens, herkauwers en koala's. *C. pecorum* kan echter ook tot klinische verschijnselen leiden, waaronder conjunctivitis en urogenitale stoornissen, met onvruchtbaarheid tot gevolg.[70] *C. pecorum* wordt beschouwd als niet zoönotisch.

2.16 Q-koorts

Frederika Dijkstra, Ingrid Keur

Q-koorts wordt veroorzaakt door *Coxiella burnetii*. Herkauwers, zoals schapen en geiten, zijn de voornaamste bron voor humane infectie. Tijdens de lammerperiode scheiden geïnfecteerde moederdieren de bacteriën in grote hoeveelheid uit via vruchtwater en placenta. De dieren zelf vertonen meestal geen symptomen, hoewel vruchtbaarheidsproblemen en abortus kunnen optreden. Er zijn twee morfologische varianten bekend van deze bacterie, die verschillen in metabole activiteit en mogelijkheid om in de omgeving te overleven. De kleincellige variant is een spore-achtige extracellulaire vorm die metabool inactief is. Dit is de vorm die zeer lang kan overleven in de omgeving, zoals in en rond stallen, weilanden, ruwe wol, huiden en kleding, en via de lucht wordt verspreid. Infecties kunnen opgelopen worden na inhalatie van de kleincellige variant. De grootcellige variant daarentegen is de metabool actieve vorm waarin de bacterie zich vermenigvuldigt in cellen (vooral macrofagen en trofoblasten), nadat de infectie heeft plaatsgevonden. Naast de twee morfologische varianten vertoont *C. burnetii* ook antigene variatie, op basis van verschillen van LPS (oppervlakte-lipopolysaccharide), die van belang is voor de serologische differentiatie tussen acute en chronische Q-koorts. Verschillende expressies van LPS vormen de basis van het onderscheid tussen

fase I- en fase II-antigenen. Na infectie met *C. burnetii* verlopen de meeste gevallen asymptomatisch. Bij personen waarbij wel klinische klachten optreden, variëren de klachten tussen mild griepachtig tot een ziekte met ernstiger beloop. Bij een ernstiger verloop treden meestal pneumonie of hepatitis op, maar aangezien Q-koorts een gegeneraliseerde infectieziekte is met verspreiding via bloed, kunnen symptomen zich vanuit alle orgaansystemen voordoen. Een klein percentage (ongeveer 2%) van de geïnfecteerden ontwikkelt chronische Q-koorts, een ernstig ziektebeeld met voornamelijk cardiovasculaire pathologie. Ook kan infectie leiden tot het Q-koorts-vermoeidheidssyndroom.

2.16.1 Humane meldingen

In 2019 werden achttien patiënten met acute Q-koorts gemeld in Osiris. Dit aantal is in lijn met de aantallen meldingen in de jaren 2013-2018, waarin jaarlijks veertien tot 26 patiënten gemeld werden (Figuur 2.16.1). Evenals in voorgaande jaren was het merendeel van de patiënten man (83%). De mediane leeftijd was 62 jaar (Tabel 2.16.1). Vier patiënten hadden de ziekte waarschijnlijk in het buitenland opgelopen. In het voorjaar was er een geografisch cluster van vier patiënten in het zuiden van het land (drie bevestigde meldingen en één waarschijnlijke). Deze patiënten zijn alle vier in het ziekenhuis opgenomen geweest. De eerste ziektedagen lagen tussen eind maart en eind mei 2019. Eén van de patiënten heeft in de incubatieperiode een reis naar het buitenland gemaakt en twee patiënten hebben als mogelijke bron een bezoek aan dezelfde kinderboerderij genoemd. De dieren op de kinderboerderij waren eerder gevaccineerd tegen Q-koorts en bij recent afgelammerde geiten kon geen C. burnetii worden aangetoond. Dieren van omliggende geiten- en schapenhouderijen in een straal van 5 kilometer waren al gevaccineerd. Brononderzoek door de GGD in nauw contact met de NVWA heeft verder geen concrete bron(en) opgeleverd.

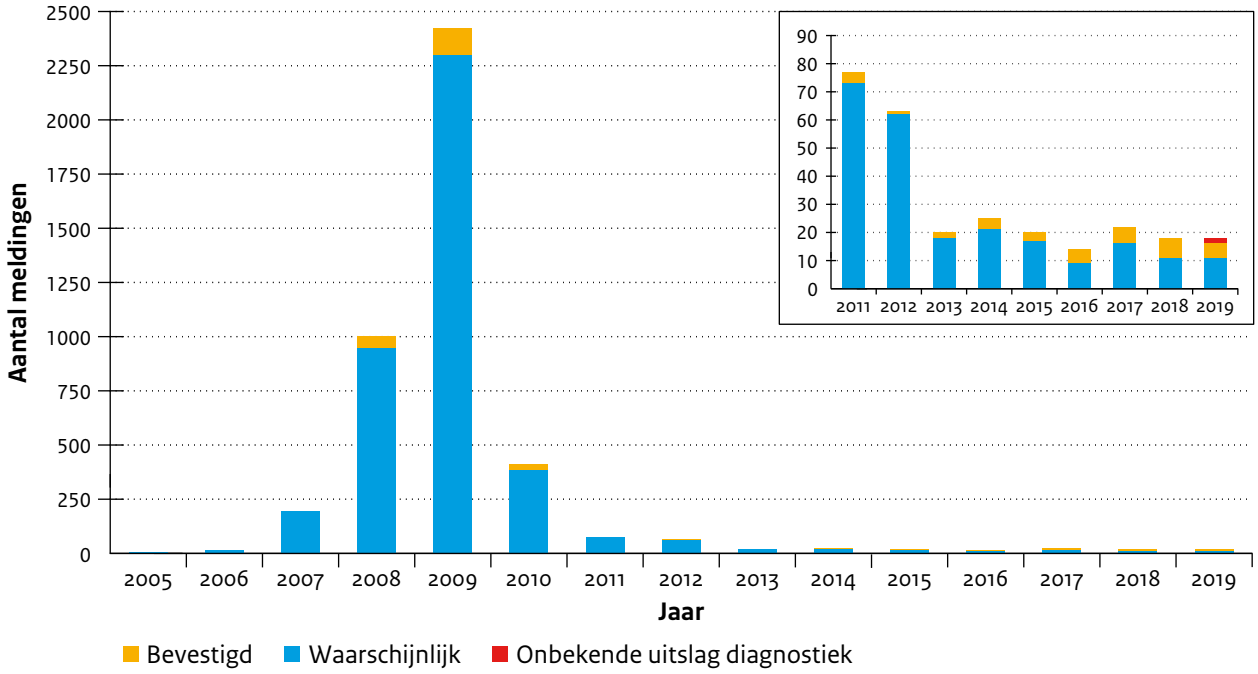
In Nederland bestaat geen systematische surveillance van sterfgevallen ten gevolge van Q-koorts. In de Osiris-database worden alleen patiënten met acute Q-koorts gemeld. Als op het moment van melden bekend is dat het om een overleden patiënt gaat met acute Q-koorts, wordt dit gerapporteerd in Osiris. In 2018 zijn er geen overlijdens gerapporteerd in Osiris. Het merendeel van de sterfgevallen zullen echter patiënten zijn met chronische Q-koorts. Een betere schatting van het aantal sterfgevallen is beschikbaar vanuit de landelijke database die beheerd wordt door onderzoekers vanuit het UMC Utrecht, het Radboudumc en het Jeroen Bosch-ziekenhuis. Q-koorts-experts van die ziekenhuizen hebben op basis van de database vastgesteld dat de afgelopen tien jaar 95 patiënten zeker of waarschijnlijk aan Q-koorts zijn overleden. Daarvan zijn er 86 patiënten overleden aan de gevolgen van chronische Q-koorts en negen aan acute Q-koorts.

Evenals in voorgaande jaren was het aantal diagnoses van *Coxiella burnetii* in de virologische weekstaten (n=69) in 2019 hoger dan het aantal meldingen in Osiris. Deze discrepantie werd ook in voorgaande jaren gezien. De meest waarschijnlijke verklaring voor het verschil in aantallen in beide surveillance-systemen is dat de Osiris-meldingen alleen acute Q-koortspatiënten betreffen, waarbij sprake moet zijn van koorts, pneumonie of hepatitis in combinatie met een positieve laboratoriumuitslag. De virologische weekstaten bevatten daarentegen ook positieve laboratoriumresultaten van patiënten die mogelijk in het verleden infecties hebben doorgemaakt en die bijvoorbeeld getest werden om chronische Q-koorts uit te sluiten. Daarbij zijn dan wel aanwijzingen voor eerder doorgemaakte acute Q-koorts-infectie gevonden, maar geen passend klinisch beeld, waardoor het niet in Osiris gemeld is. Een verhoogd aantal *C. burnetii*-diagnoses in de virologische weekstaten na de Q-koorts-epidemie is daarom niet onverwacht.

2.16.2 Q-koorts veterinair

Alle schapen en geiten van door de wet aangewezen schapen- en geitenmelkbedrijven en alle bedrijven die voldoen aan de definitie van publieksbedrijf, moeten elk jaar vóór 1 augustus verplicht worden gevaccineerd tegen Q-koorts door de houder. Volgens de Gwwd zijn onderzoeksinstellingen, dierenhouders (ook hobbyhouders) en dierenartsen verplicht verdenkingen van Q-koorts te melden bij de NVWA. Een afwijkend aantal abortussen (verwerpers) bij schapen en geiten is, volgens de Gwwd, meldingsplichtig (zie paragraaf 2.2). Alle bedrijven met meer dan vijftig melkgeiten of -schapen zijn verplicht mee te doen aan het tankmelk-monitoringsonderzoek dat uitgevoerd wordt door de GD. Een positieve of dubieuze uitslag wordt na bevestiging door WBVR aan de NVWA gemeld. De NVWA bezoekt hierna het bedrijf en neemt een ambtelijk tankmelkmonster, dat wordt onderzocht bij WBVR. Als bij WBVR wederom DNA van *Coxiella burnetii* in dit tweede melkmonster wordt aangetoond, wordt het bedrijf besmet verklaard. In 2019 zijn er twee meldingen van een positief tankmelkmonster binnengekomen. Bij het door de NVWA vervolgens ingestelde onderzoek werd geen Q-koorts aangetoond. In 2016 heeft de NVWA het laatste door Q-koorts geblokkeerde bedrijf vrijgegeven, omdat onderzoek van de tankmelkmonsters een jaar lang negatief – dus vrij van *Coxiella burnetii* – verlopen was. Hiermee is de uitbraak van 2007-2010 afgesloten.

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



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

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

a Datum waarop de meldingen ingedeeld zijn = datum eerste ziektedag, of, indien deze ontbreekt, datum van melding of datum van laboratorium-bevestiging (afhankelijk van welke van de data het eerst beschikbaar was).

b Aantal positieven (% van totaal). Percentages zijn gebaseerd op het aantal patiënten waarbij de specifieke informatie beschikbaar was.

De NVWA heeft in 2019 twee meldingen ontvangen van toegenomen abortus bij kleine herkauwers. Beide locaties zijn door een specialistenteam bezocht. Op één locatie zijn van verschillende dieren monsters genomen en ingestuurd naar WBVR voor onderzoek. In het onderzoeksmateriaal kon geen *C. burnetii* worden aangetoond. Op de andere locatie konden door het specialistenteam geen monsters genomen worden. De dieren die recent verworpen hadden, waren reeds afgevoerd naar het slachthuis. Op het bedrijf was sprake van diverse bedrijfsgebonden gezondheidsklachten bij de schapen. Door middel van aanvullend laboratorium-onderzoek door GD op door de veehouder ingestuurde vrucht en nageboorte werd *Chlamydia* spp. aangetoond.

Wanneer bij een humane patiënt met Q-koorts een mogelijke dierlijke bron kan worden aangewezen, verzoekt de GGD de NVWA om een brononderzoek uit te voeren. De NVWA onderneemt actie wanneer er tenminste twee patiënten zijn die aan een bepaalde locatie te linken zijn of wanneer er niet voldaan is aan de vaccinatieplicht. De GGD heeft in 2019 zeven meldingen van humane patiënten gedaan aan de NVWA. In één geval betrof het de eigenaar van een vleesschapenbedrijf. Op dit bedrijf was geen verhoogd aantal abortussen waargenomen. Er waren verder geen aanwijzingen dat dieren op dit bedrijf of op andere bedrijven in de omgeving besmet waren met *C. burnetti*. In twee gevallen ging het om een bezoek aan een publieke locatie waarvan de dieren niet volledig gevaccineerd bleken. Beide locaties zijn door de NVWA bezocht en er zijn maatregelen opgelegd richting de bedrijven. Op één van deze locaties zijn van verschillende dieren monsters genomen. In het onderzoeksmateriaal kon geen *C. burnetti* worden aangetoond.
Vier andere patiënten hadden geen direct contact gehad met dieren. De NVWA heeft op verzoek van de GGD voor deze patiënten onderzocht of er aanwijzingen waren dat de dieren in de omgeving besmet waren met *C. burnetii*. Dit was niet het geval doordat bijvoorbeeld de dieren gevaccineerd waren en er, indien van toepassing, gunstige tankmelk-monitoringsuitslagen waren. Er is vervolgens door de NVWA in overleg met de GGD geen verdere actie op deze meldingen ondernomen.

2.17 Rabiës

Ingrid Keur, Imke Schreuder, Phaedra Eble, Hans van den Kerkhof

2.17.1 Rabiës bij de mens

Rabiës (hondsdolheid) is een zoönotische infectieziekte overgedragen door zoogdieren met een mortaliteit van ongeveer 60.000 personen per jaar wereldwijd, waarvan het merendeel in Azië en Afrika.[74] Het rabiësvirus behoort tot de groep lyssavirussen, waarvan zeventien verschillende typen door de ICTV zijn erkend, waaronder het klassiek rabiësvirus, met name voorkomend bij honden wereldwijd, en het European Bat Lyssa Virus (EBLV), dat voorkomt bij vleermuizen in Europa.[75] Naar verwachting hebben alle lyssavirussen één of meerdere vleermuissoorten als gastheer.

Op het moment dat er bij de mens symptomen worden waargenomen, heeft de ziekte bijna altijd een dodelijke afloop. De incidentie van humane rabiësinfectie in Nederland is erg laag. Sinds 1962 zijn slechts acht patiënten met rabiësinfectie beschreven.[76] Alle acht personen waren in het buitenland met het virus besmet. Het laatste geval was in 2014. Een Nederlandse vrouw werd in India door een hond gebeten. De vrouw had geen pre-expositieprofylaxe (PrEP) gekregen en na de hondenbeet niet de volledige post-expositieprofylaxe (PEP) gehad, waarna zij vervolgens in Nederland aan de infectie overleed.[76]

2.17.2 Rabiës bij dieren

In Nederland is het klassieke rabiësvirus geëlimineerd in wilde en gedomesticeerde dieren. Specifieke vleermuis-gerelateerde rabiësvirussen, *European Bat Lyssa Virus* (EBLV) 1 en 2, komen wel endemisch voor. In Nederland is besmetting met EBLV alleen aangetoond bij twee van de zestien hier voorkomende vleermuissoorten, namelijk de laatvlieger (*Eptesicus serotinus*) en de meervleermuis (*Myotis dasycneme*).[77,78]
Het risico voor de mens op infectie met EBLV is erg klein; er zijn in de literatuur slechts vijf gevallen in Europa beschreven. Desalniettemin wordt direct contact met vleermuizen ontraden. Bij een verwonding (krab, beet) door een vleermuis dient advies bij de GGD of huisarts ingewonnen te worden voor een eventuele post-expositie-behandeling.[77]

De NVWA laat sinds 2013 door het Nationaal Referentielaboratorium (WBVR) enkel vleermuizen onderzoeken die (vermoedelijk) in direct contact zijn gekomen met mensen. In 2019 betrof dit dertien vleermuizen waarvan er één EBLV-1 bij zich droeg. Daarnaast onderzoekt het Nationaal Referentielaboratorium WBVR meer vleermuizen op jaarbasis door middel van PCR. Dit zijn bijvoorbeeld zieke of dode gevonden vleermuizen, meestal ingezonden door een vleermuisopvangcentrum, waarbij er geen direct contact (intra/transdermaal) is geweest met mensen. In 2019 betrof dit in totaal 42 vleermuizen en bij vier werd EBLV-1 aangetoond. Sinds 1987 onderzoekt het WBVR uit Nederland ingestuurde vleermuizen.
De prevalentie van EBLV-1 onder de Nederlandse onderzochte laatvliegerpopulatie (data van 1987-2017) is 23,6%. De onderzochte populatie betreft een selectie van zieke of dode dieren. De daadwerkelijke prevalentie van EBLV-1 in de laatvliegerpopulatie is hoogstwaarschijnlijk veel lager.

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

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

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

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

Tabel 2.17.1 geeft het aantal rabiës-positieve dieren weer, getest door middel van directe immunofluorescentietest (IFT), ten opzichte van het totaal aantal onderzochte dieren naar aanleiding van verdenkingen gemeld bij de NVWA. De NVWA is verantwoordelijk voor het internationaal rapporteren van dieren die onderzocht zijn door middel van de IFT. De directe IFT is op dit moment de 'gouden standaard'-test en deze wordt aangeraden door zowel de WHO als de OIE. In mei 2018 heeft de OIE de PCR-test benoemd als een goed alternatief voor de directe IFT. Vanaf het jaar 2019 rapporteert de NVWA ook dieren die enkel door middel van PCR getest zijn.[79,80]

2.18 Salmonellose

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

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

Incidentele gevallen van humane salmonellose zijn in Nederland, in tegenstelling tot diverse andere Europese landen, niet meldingsplichtig. Salmonellose is alleen meldingsplichtig indien het een humaan cluster van twee of meer gerelateerde gevallen betreft met een oorsprong in consumptie van besmet voedsel of drinkwater. Inzicht in de trend van salmonellose wordt verkregen via kiem-surveillance die door het Centrum Infectieziektebestrijding (CIb) binnen het RIVM wordt uitgevoerd. Hierbij worden medische laboratoria gevraagd om isolaten naar het RIVM op te sturen. De geschatte dekkingsgraad van deze surveillance op basis van de deelnemende streeklaboratoria is 64% van de Nederlandse bevolking (voor laboratorium-bevestigde salmonellose). Deze isolaten worden alle geserotypeerd. De serotypen Enteritidis (sinds begin 2019) en Typhimurium (sinds begin 2020), inclusief de monofasische variant, worden verder getypeerd middels *Whole-Genome-Sequencing* (WGS). Deze typering vervangt de *Multi Locus Variable-number tandem repeat Analysis* (MLVA)-typering voor deze serotypen vanwege het hogere onderscheidend vermogen van de WGS. Bij verheffingen van andere serotypen wordt WGS soms toegepast om de uitbraak te verifiëren of bij bronnonderzoek een link te leggen met eventuele niet-humane isolaten.

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

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

2.18.1 Trends in salmonellose bij de mens

2.18.1.1 serotypen

In 2019 was het aantal ingestuurde *Salmonella*-isolaten (n=1002) van humane patiënten in Nederland door de deelnemende streeklaboratoria iets hoger dan in 2017 (n=977) en 2018 (n=952) (Tabel 2.18.1) Het totaal aantal laboratorium-bevestigde gevallen in Nederland wordt op basis van de dekkingsgraad van de kiem-surveillance met de streeklaboratoria geschat op 1566. De trend in de humane salmonellose is, na een lange periode van geleidelijke afname, redelijk stabiel sinds 2013 bij gelijkblijvend aantal inzenders met eenzelfde seizoens-fluctuatie als voorgaande jaren (Fig. 2.18.1). Net als in voorgaande jaren zijn de serotypen Enteritidis (35%), Typhimurium (12%) en monofasische Typhimurium (13%) in 2019 de meest voorkomende veroorzakers van humane salmonellose (Tabel 2.18.1). Andere serotypen maken alle afzonderlijk minder dan 3% van het totaal uit.

In 2019 was het aandeel (absoluut en relatief) S. Typhimurium en monofasische S. Typhimurium aanzienlijk lager (-22%) dan voorgaande jaren, wat past in de langjarige trend van geleidelijke daling (Fig. 2.18.2). Opvallend was het hoge aandeel Enteritidis ((Tabel 2.18.1) en Fig. 2.18.2), met meer humane gevallen dan in 2016/2017, toen een uitbraak gerelateerd aan Poolse eieren meer dan tweehonderd humane gevallen van S. Enteritids veroorzaakte in Nederland.81 Er is op dit moment geen duidelijke verklaring voor deze stijging. Zoals gebruikelijk werden infecties met S. Enteritidis in 2019 beduidend vaker dan S. Typhimurium in het buitenland opgelopen (19% voor Enteritidis, <10% voor Typhimurium en de monofasische variant, en rond 10% voor het totaal aan overige serotypen), (Tabel 2.18.1). Deze fracties wijken niet significant af van vorig jaar. Het deel *S.* Infantis-infecties dat opgelopen werd in het buitenland daalde opvallend van 22% in 2018 naar 8% in 2019, terwijl het absoluut aantal gevallen gelijk bleef. Naar verhouding worden dus meer *S.* Infantis-infecties binnen Nederland opgelopen.

2.18.1.2 Ziektelast

Aan de hand van diverse epidemiologische onderzoeken in de afgelopen twintig jaar kan op basis van de data, betreffende het aantal laboratorium-bevestigde Salmonellosis-gevallen afkomstig uit de kiem-surveillance, geschat worden hoeveel mensen er totaal in de algemene bevolking acute gastro-enteritis krijgen door *Salmonella*. Hiermee kan ook de ziektelast in DALY's (*Disability Adjusted Life Years*) en Cost-Of-Illness (COI) worden geschat. In Tabel 2.10.2 is dit voor *Salmonella* en *Campylobacter* geschat op basis van surveillancegegevens voor het betreffende jaar. Voor 2019 wordt het totaal aantal gevallen van acute gastro-enteritis veroorzaakt door *Salmonella* in de bevolking geschat op 25.971 en wordt de ziektelast geschat op 1.099 DALY's. De COI geassocieerd met deze ziektelast komt in 2019 op € 19 miljoen.82 De populatie ziektelast van *Salmonella* in 2019 is daarmee vergelijkbaar met voorgaande jaren. Voor *Salmonella*-infecties wordt geschat dat naast reizen, milieucontact en persoon-persoon-overdracht, ongeveer 55% van de infecties via het voedsel komt.

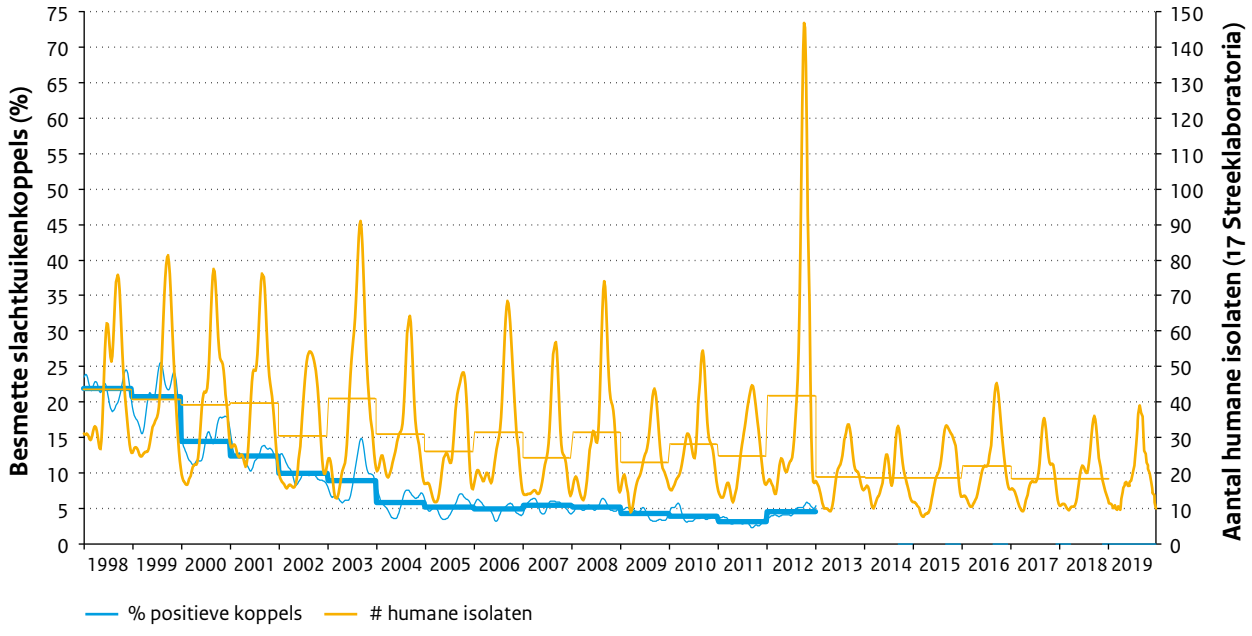
2.18.1.3 Clusters en uitbraken

In 2019 werden er minder verheffingen (meer patiënten met een bepaald type *Salmonella* dan verwacht op basis van het langjarige gemiddelde op een bepaald moment in het jaar) gedetecteerd dan voorgaande jaren en met in totaal minder cases. In totaal waren er zes landelijke significante verheffingen en één lokaal (S. London, zes cases) met in totaal 82 cases (8% van totaal aantal Salmonellose-gevallen) (Tabel 2.18.2). Vorig jaar betrof dit 122 cases en 13% van het totaal. Anderzijds was de gemiddelde omvang van de verheffing in 2019 hoger (11,7 personen) dan voorgaande jaren (7,8 en 6,5 in 2017 en 2018 respectievelijk). Beide observaties hebben waarschijnlijk te maken met de veranderde methode van clusteranalyse door het gebruik van *Whole-Genome-Sequencing* (WGS) in plaats van MLVA. Regelmatig bleken isolaten binnen verheffingen die gedetecteerd waren met MLVA toch niet aan elkaar gerelateerd te zijn op basis van de hogere resolutie WGS-typering waardoor de betreffende verheffing (op basis van MLVA) niet meer significant was (resulterend in minder verheffingen). Anderzijds kunnen met WGS cases over langere tijdsintervallen bij verheffingen worden ingedeeld, terwijl die door het reguliere verheffingsalgoritme op basis van MLVA niet meer als verheffing worden gedetecteerd. Daarnaast bleek dat in diverse clusters meerdere MLVA-typen met WGS tot hetzelfde cluster behoorden. Vanaf begin 2019 worden alle S. Enteritidis-isolaten getypeerd met WGS. Dit laat zien dat het merendeel (74,1%) van de patiënten deel uitmaakt van een cluster van ten minste twee humane gevallen en er dus relatief weinig sporadische gevallen zijn.

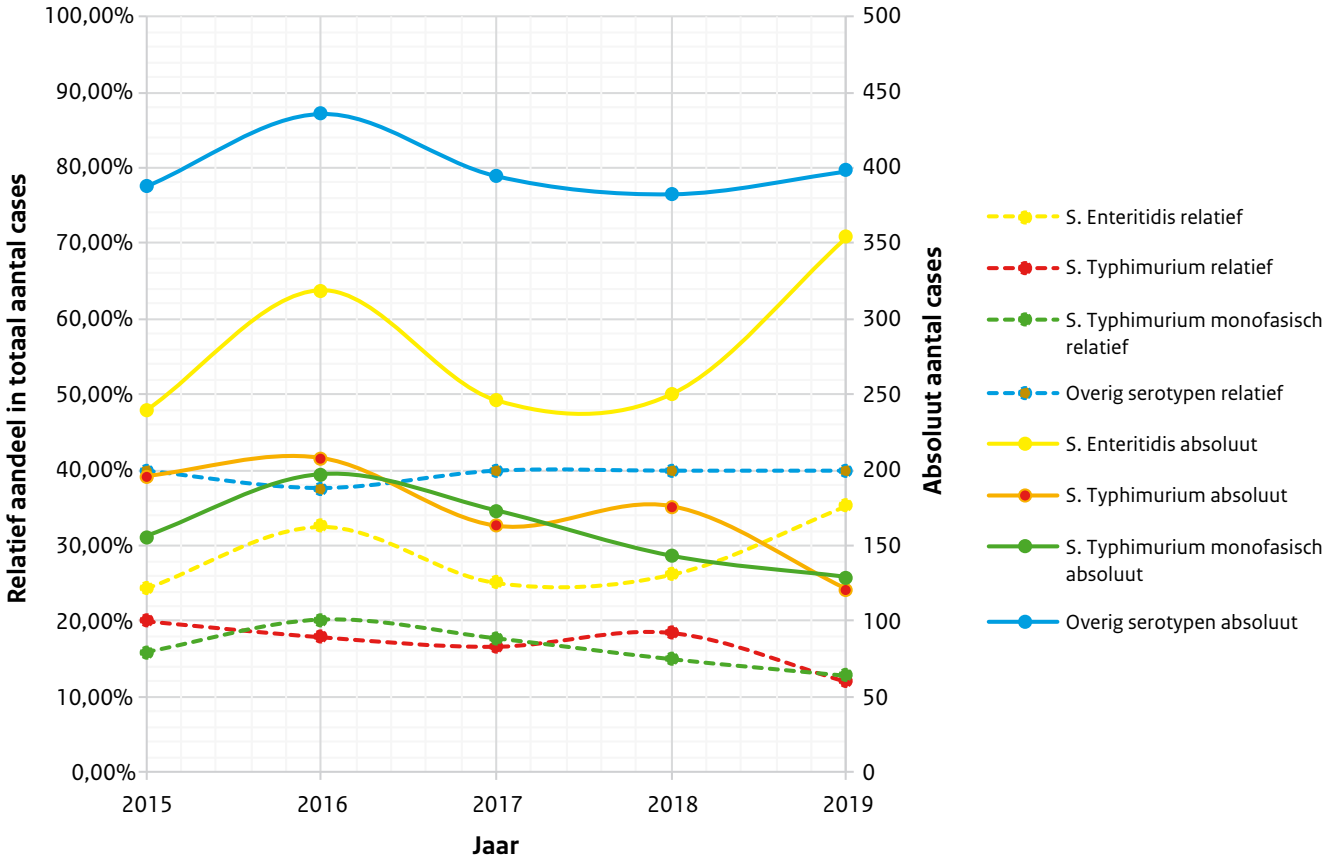
Tabel 2.18.1 De ontwikkeling van de belangrijkste Salmonella-serotypes in de mens. Serotypes waar significante verheffingen voor zijn gevonden zijn grijs gearceerd (vergelijk Tabel 2.18.3 en Figuur 2.18.2)
(Bron: Laboratoriumsurveillance RIVM).

	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	Reis>2019
Totaal aantal	1466	1298	2204	994	986	979	1160	977	952	1002	18%
Enteritidis	516	380	421	256	213	239	319	246	250	354	19%
Typhimurium	438	331	276	185	166	196	208	163	176	121	8%
SI 1,4,5,12:i:2-	138	262	321	158	207	156	197	173	143	129	9%
Typhi	10	7	7	10	12	9	7	9	10	13	46%
Paratyphi A	5	4	6	8	7	--	7	3	5	3	67%
Paratyphi B	4	4	2	2	1	3	2	2	2	6	33%
Agona	5	5	8	5	6	9	13	7	6	11	45%
Bovismorbificans	4	6	14	6	6	5	34	19	5	11	9%
Brandenburg	6	4	11	15	20	7	9	6	15	8	0%
Chester	1	--	2	3	12	11	12	10	16	20	20%
Derby	9	10	10	11	15	12	16	7	18	7	0%
Dublin	5	8	4	6	22	15	20	6	16	13	0%
Goldcoast	2	6	9	5	2	10	8	6	22	8	0%
Heidelberg	3	8	3	4	31	4	3	1	2	1	0%
Infantis	18	13	22	30	26	35	26	38	25	26	8%
Kentucky	14	14	11	17	6	9	31	27	7	13	15%
London	3	7	3	5	9	3	1	3	2	7	0%
Muenchen	2	2	4	6	2	8	1	5	5	10	0%
Newport	21	29	20	12	12	9	11	18	21	16	56%
Paratyphi B var. Java	9	15	6	10	7	13	26	17	15	19	32%
Saintpaul	19	5	3	2	12	10	7	8	16	15	27%
Stanley	6	7	16	12	7	16	9	11	12	16	31%
Thompson	7	--	803	25	7	5	7	4	2	2	50%
Virchow	10	1	9	10	9	5	8	8	10	18	11%
OVERIGE	211	170	213	191	169	190	178	180	151	155	12%

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



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



De landelijk significante clusters betroffen drie keer S. Enteritidis, één keer S. Typhimurium, één keer S. Muenchen en één keer S. Virchow. Het aantal patiënten bij uitbraken is meestal het topje van de ijsberg; het werkelijke aantal gevallen van salmonellose veroorzaakt door zulke uitbraken ligt naar schatting ruim vijftienmaal zo hoog.

- Het grootste cluster (detectie en gedefinieerd met WGS) betrof S. Enteritidis met 39 cases (38 MLVA 02-10-07-03-02, één MLVA 02-11-07-03-02), geassocieerd met eieren waarbij er ook een link met cases uit Noorwegen en Duitsland was. In Nederland lukte het niet om met een patiëntcontrole-onderzoek de bron te vinden. Bronopsporingsonderzoek naar aanleiding van een familiecluster in Duitsland leidde uiteindelijk tot een Nederlands leghennenbedrijf als bron. Nadat maatregelen genomen waren door het bedrijf, werden er geen nieuwe gevallen gedetecteerd.
- Het tweede S. Enteritidis-cluster (gedefinieerd met WGS) betrof in totaal 34 gedetecteerde cases verspreid over vijf verschillende MLVA-typen (28 MLVA 02-11-07-03-02, twee MLVA 02-10-07-03-02, één MLVA 02-11-07-03-00, twee MLVA 03-10-05-04-01, één MLVA 03-11-05-04-01). In eerste instantie ging het om een melding van GGD Amsterdam en GGD regio Utrecht van een voedseluitbraak gerelateerd aan een familiefeest, evenals twee andere locaties waar hetzelfde dessert, namelijk tiramisu, werd geserveerd. Op basis van WGS bleek dat het cluster groter was dan aanvankelijk gedacht en zich niet beperkte tot het familiefeest. Bronopsporing van de NVWA op basis van WGS heeft aangetoond dat eieren afkomstig uit Spanje, die in Nederland verkocht zijn in een kleine supermarkt, de bron van deze uitbraak waren.
- Het derde S. Enteritidis-cluster (detectie en gedefinieerd met WGS) betrof veertien cases (dertien MLVA 3-10-5-4-1, één MLVA 3-9-5-4-1). Dit cluster is echter niet uitvoerig onderzocht, omdat het onwaarschijnlijk was dat de bron gevonden zou kunnen worden met dit lage aantal gevallen. Daarnaast deden zich relatief snel geen nieuwe cases meer voor.

Tabel 2.18.2 Regionale en diffuse uitbraken geconstateerd binnen de Laboratorium Surveillance RIVM (dekkingsgraad ~64%) en het aantal betrokken gevallen van salmonellose in de clusters.

	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019
Totaal (regionaal)	17 (7)	21(5)	20(5)	5(2)	11(4)	15(5)	17(10)	23(6)	19(4)	7(1)
Totaal cases	1466	1299	2207	995	985	978	1158	968	952	1002
Aantal cases in clusters (% van totaal cases)	342 (23%)	332 (26%)	1091 (49%)	41 (4%)	125 (13%)	217 (22%)	285 (25%)	181 (19%)	122 (13%)	82 (8%)

- Idem voor het cluster met S. Typhimurium MLVA 03-12-08-08-211 waarbij twaalf cases waren betrokken.
- Elf cases in Nederland maakten op basis van WGS deel uit van een internationaal cluster (in totaal zes landen) van S. Muenchen. WGS van internationale voedsel-isolaten leidde niet tot een match met het humane cluster. De uitbraak is vanzelf uitgedoofd en de bron is uiteindelijk niet geïdentificeerd.
- Vanaf augustus 2019 (en doorlopend in 2020) was/is er sprake van een cluster van S. Virchow met drie WGS-bevestigde humane cases in 2019 en zes in 2020. De humane isolaten vormden op basis van WGS een cluster met zes S. Virchow-kippenvlees-isolaten bemonsterd/afgenomen in oktober 2018 (n=1), oktober 2019 (n=1) en december 2019 (n=4). Tracering door de NVWA toonde aan dat deze kippenvlees-isolaten afkomstig waren van verschillende goederenstromen waarbij geen onderlinge relatie was tussen de betrokken bedrijven. De onderzoeksresultaten van enkel voedselmonsters hebben geleid tot het nemen van maatregelen bij de producent, omdat een wettelijke norm werd overschreden (in tegenstelling tot vers pluimveevlees mag in gekruid of gemarineerd pluimveevlees geen enkel type *Salmonella* voorkomen, terwijl in vers pluimveevlees dit enkel S. Enteritidis en S. Typhimurium betreft). Hiervoor zijn producten uit de handel gehaald en is er een publiekswaarschuwing opgemaakt. Het kippenvlees bleek afkomstig van drie slachthuizen in Nederland en een partij kippenvlees geïmporteerd uit Brazilië. Hoewel, door WGS, het aannemelijk is dat het een gezamenlijke oorsprong heeft, is er geen link gevonden tussen de bedrijven waarvan de voedsel-isolaten afkomstig waren. Een verklaring hiervoor is nog niet gevonden.

2.18.1.4 *Epidemiologie van invasieve Salmonella-infecties*

In 2019 is een landelijke studie uitgevoerd naar de veranderde epidemiologie van invasieve *Salmonella*-infecties in Nederland.83 Hieruit bleek dat vanaf 2012 er een significante stijging is in het aandeel invasieve infecties ten opzichte van het totaal aantal *Salmonella*-infecties (gemiddeld rond 5%). Een verhoogd risico op invasieve infecties is geassocieerd met het winterseizoen, mannelijk geslacht, en wonen in landelijk gebied. Alhoewel in totaal S. Enteritidis en S. Typhimurium verantwoordelijk zijn voor de meeste invasieve infecties, laten S. Dublin, S. Panama en S. Poona de hoogste relatieve fracties invasieve infecties zien. Opvallend is echter dat alleen voor S. Enteritidis en S. Typhimurium (inclusief monofasische variant) een stijgende trend te zien is in de mate waarin zij tot invasieve infecties leiden vanaf 2012. Mogelijk reflecteert dit onderliggende veranderingen in de biologie van *Salmonella* en/of gevoelige humane sub-populaties.

2.18.2 Salmonella bij landbouwhuisdieren en in voedsel

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

2.18.2.1 *Landbouwhuisdieren algemeen monitoringsprogramma NVWA*

De NVWA monitort in de gehele levensmiddelenketen, van primaire productiebedrijven tot in de detailhandel, op wettelijke limieten en criteria, volgens trends en het signaleren van nieuwe risico's. Op slachthuizen in de verschillende vleesketens wordt op onder andere naleving van verplicht eigen onderzoek van deze bedrijven (Microbiologische criteria voor levensmiddelen Verordening (EG) nr. 2073/2005) gecontroleerd en worden door NVWA ook monsters genomen ter verificatie.

Bij varkens domineerden S. Typhimurium en de monofasische variant van S. Typhimurium. Bij runderen werden S. Typhimurium (35%) en S. Dublin (29%) het meest geïsoleerd, gevolgd door de monofasische variant van S. Typhimurium (12%). Bij pluimvee (inclusief pluimveeproducten) waren de meest geïsoleerde serovars S. Infantis (38%), S. Paratyphi B var. Java (11%) en S. Enteritidis (10%). Onder leghennen was S. Enteritidis (58%) het dominante en meest frequent geïsoleerde serotype, gevolgd door S. Typhimurium (9%) (Tabel 2.18.3). In 2019 zet de trend onder pluimvee-isolaten wat betreft daling van het aandeel S. Paratyphi

B var. Java vanaf 2013 dus door en is S. Infantis net zoals voorgaande jaren nog steeds het dominante serotype.

2.18.2.2 *Surveillance Landbouwhuisdierenproject*

In het kader van het gezamenlijke RIVM-NVWA-project 'Surveillance Landbouwhuisdieren' werd in 2018 en 2019 onderzoek gedaan bij vleeskuikens. Vanwege de consequenties die een positieve *Salmonella*-uitslag kan hebben voor het koppel vleeskuikens, is *Salmonella* voor dit onderzoek niet in de verzamelde monsters onderzocht, maar zijn de uitslagen van de officiële *Salmonella*-status uit de reguliere monitoring (zie 2.18.2.3) opgevraagd uit de database KIPnet. In de onderzochte steekproef van 198 bedrijven werd bij 22 bedrijven (11,3%) *Salmonella* gemeld. Bij de officiële status hoeft geen serotype te worden bepaald of gerapporteerd anders dan S. Typhimurium en S. Enteritidis; de prevalentie van deze twee typen bij vleeskuikens is laag (rond 0,1%). Wel zijn aanvullend nog de andere *Salmonella*-serotypen bepaald. De meest gevonden serotypen waren S. Paratyphi B var. Java (10x) en S. Infantis (9x). Daarnaast werden S. Agona, S. Goldcoast en S. Saint Paul elk gevonden op één bedrijf. Ook bij één humane deelnemer van dit onderzoek werd S. Infantis in een ontlastingsmonster aangetoond. Op het vleeskuikenbedrijf van deze deelnemer werd voor het onderzochte koppel geen S. Infantis gemeld. Uit de risicofactor-analyse bleek het naleven van twee hygiënemaatregelen ('geen contact

Tabel 2.18.3 De ontwikkeling van de belangrijkste Salmonella-serotypes in landbouwhuisdieren (Bron: Laboratoriumsurveillance RIVM en monitoring programma NVWA).

Serotypes	2012-2016				2017				2018				2019			
	Varken	Rund	Slachtkuiken	Leghen	Varken	Rund	Slachtkuiken	Leghen	Varken	Rund	Slachtkuiken	Leghen	Varken	Rund	Slachtkuiken	Leghen
Totaal aantal	652	289	733	336	163	80	160	24	91	61	107	50	133	105	166	45
Typhimurium	228	109	17	24	56	28	7	4	29	24	4	2	48	37	6	4
SI 1,4,5,12:i:-	206	59	40	15	86	10	5	7	25	10		1	44	13	1	
Enteritidis	1	6	91	192		1	6	5				21		2	17	26
Infantis	9	1	133	8	1		10	2	3	1	56	1	6	2	63	3
Paratyphi B var. Java	2	2	160	7		1	22				27				18	2
Heidelberg			128				73				2		1			
Derby	106		9	3	5				12				13		1	
Dublin	1	83	1	2	1	27			1	15			2	30		
Brandenburg	39	5	9		2	1	5		5		1	1	3		2	
Agona			13	11		1	1				4		1			2
Livingstone	9		11	3	2				1		2	1	2			
Minnesota			19	2			3									
Kedougou							2				1	19			17	
Goldcoast	8	4	3		1	1			3		2		3	1	3	
Mbandaka	1		9	7			1				1				1	
Anatum	5		5	3			3									
Braenderup			3	12								1			1	
Rissen	9		2	2	2				3				1		1	
Indiana			10	3				2			1				9	
Newport		8	2			1	1			1	1			4		
Jerusalem			1	6			5									
Montevideo		4	3	1		3		1								
Overig (58)	28	8	64	35	9	6	16	7	9	10	1	3	9	16	26	8

met ander pluimvee in de afgelopen 12 uur' en 'handen wassen na het betreden van de stal') gerelateerd met een kleinere kans op aanwezigheid van *Salmonella* bij de vleeskuikens op het bedrijf. Daarentegen werd *Salmonella* vaker aangetoond op bedrijven met een hogere dierdagdosering.

Voor een aanvullend onderzoek naar multiresistentie bij S. Infantis zijn S. Infantis-isolaten uit deze vleeskuikenbedrijven verkregen en de sequenties geanalyseerd.[84] In de veertien onderzochte isolaten werden antibioticaresistentie-genen gevonden tegen aminoglycosiden (13/14), sulfanomiden (13/14), tetracycline (13/14), trimethoprim (10/14) en streptomycine (8/14). Daarnaast werden in dertien à veertien isolaten puntmutaties aangetroffen in het *gyrA-gen*, wat resistentie tegen (fluoro)quinolonen veroorzaakt. Deze hoge mate van resistentie hangt samen met de aanwezigheid van een megaplasmide in deze isolaten, het pESI (*plasmid of Emerging Salmonella Infantis*), dat eerder werd beschreven in S. Infantis-isolaten uit verschillende andere landen.[85] Ondanks de aanwezigheid van dit plasmide in dertien van de veertien onderzochte isolaten bleken de S. Infantis-isolaten genetisch behoorlijk heterogeen.

2.18.2.3 Monitoring Pluimvee

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

Legkoppels

Voor legkoppels geldt een monitoringsverplichting waarbij eens in de vijftien weken door de pluimveehouder monsters genomen worden. Maximaal drie weken voor de slacht wordt het koppel bemonsterd door een dierenarts. De monsters worden ingestuurd naar een erkend laboratorium voor onderzoek op de aanwezigheid van S. Enteritidis en (monofasische) S. Typhimurium. In 2019 zijn er 45 verdachte stallen gemeld op 27 legeindbedrijven. Van de 45 verdachte stallen werd voor 26 stallen verificatie-onderzoek aangevraagd, waarbij in achttien stallen de besmetting werd bevestigd en in de overige acht gevallen was het verificatie-onderzoek negatief. Voor negentien stallen werd de besmetting door de houder geaccepteerd. Naast de verdachte stallen zijn in 2019 ook 47 aanpalende stallen onderzocht door de NVWA. Hierbij werden veertien stallen positief verklaard, dertien keer S. enteritidis, één keer S. Typhimurium en één keer zonder onderzoek, omdat de dieren voor het onderzoek al met een positieve status werden geslacht.

Toont verificatie-onderzoek een besmetting aan of accepteert de houder de besmetting, dan heeft hij de keuze óf het koppel vervroegd als positief koppel te laten slachten óf het koppel de legronde te laten afmaken. Kiest de houder voor uitleggen met het koppel, dan mogen gedurende de rest van de legronde de eieren uitsluitend worden afgevoerd naar een eiverwerkend bedrijf, waar de eieren eerst verhit worden voordat ze verder verwerkt worden. Het koppel moet na de legronde als positief koppel worden geslacht. Hiernaast waren er in 2019 nog drie meldingen van opfoklegkoppels. Bij twee koppels is nader onderzoek uitgevoerd; dit bleek negatief, één koppel was al door de eigenaar geëuthanaseerd.

Vermeerderingskoppels

Voor vermeerderingskoppels geldt een monitoringsverplichting, waarbij eens in de drie weken monsters genomen moeten worden door de pluimveehouder. De laatste monstername voor slacht moeten door een dierenarts genomen worden. De monsters worden ingestuurd naar een erkend laboratorium voor onderzoek op S. Enteritidis, S. Typhimurium, S. Infantis, S. Hadar, S. Virchow en voor ouderdieren van vleeskuikens ook S. Paratyphi B var. Java. In 2019 zijn zeventien stallen van zeven bedrijven aan de NVWA gemeld, waarbij in acht stallen *Salmonella*-serotypen werden aangetoond bij het verificatie-onderzoek door de NVWA (één keer S. infantis, één keer S. typhimurium en zes keer S. enteritidis). Eén stal werd door de eigenaar geëuthanaseerd voordat NVWA-onderzoek kon plaatsvinden; deze is als positief voor S. infantis verklaard. In 2019 werden ook twee stallen van twee opfokvermeerderingsbedrijven gemeld. Bij het

verificatie-onderzoek door de NVWA bleek één stal besmet, waarbij eenmaal S. java werd aangetoond, één stal kippen was al door de eigenaar geëuthanaseerd. Toont onderzoek uitgevoerd door de NVWA een *Salmonella*-besmetting aan, dan wordt het koppel vervroegd als positief koppel geslacht en industrieel verhit, voordat verdere verwerking mag plaatsvinden.

Vleeskuikens

Voor vleeskuikens geldt een monitoringsverplichting waarbij in de eerste drie levensdagen monsters moeten worden genomen door de pluimveehouder. De monsters worden ingestuurd naar een erkend laboratorium voor onderzoek op de aanwezigheid van S. Enteritidis en (monofasische) S. Typhimurium. Maximaal drie weken voor de slacht wordt het koppel bemonsterd door een dierenarts. De monsters worden ingestuurd naar een erkend laboratorium voor onderzoek op S. Enteritidis, S. Typhimurium, S. Infantis, S. Hadar, S. Virchow en S. Paratyphi B var. Java. In 2019 zijn in 32 stallen *Salmonella*-besmettingen aangetoond op 25 vleeskuikenbedrijven. Als een *Salmonella*-besmetting wordt aangetoond bij de monstername drie weken voor de slacht, dan wordt het koppel als positief koppel logistiek geslacht. Indien S. Enteritidis of (monofasische) S. Typhimurium is aangetoond, wordt het vlees industrieel verhit voordat verdere verwerking mag plaatsvinden.

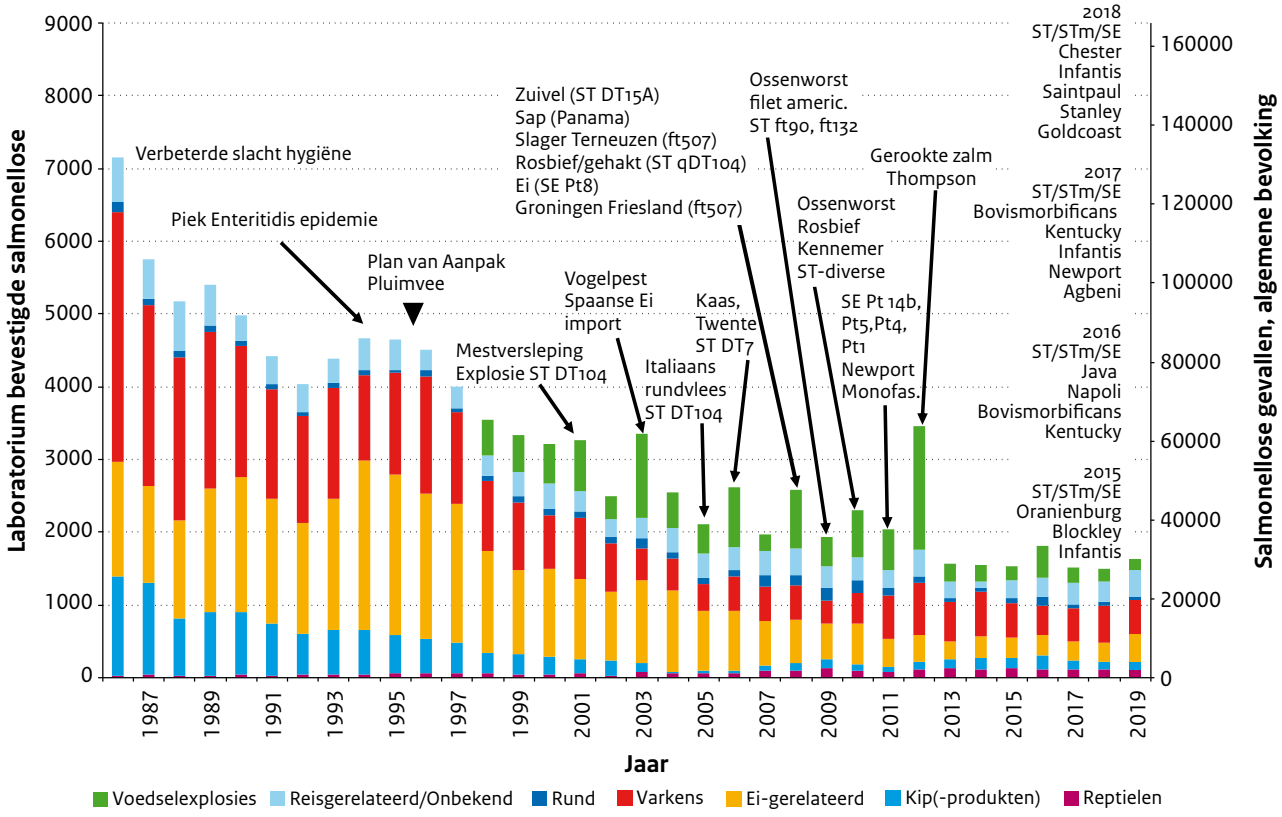
2.18.2.3 Levensmiddelenonderzoek

De NVWA onderzoekt jaarlijks voor een groot aantal levensmiddelen of zij voldoen aan de gestelde norm van afwezigheid van *Salmonella*.

In Tabel 2.18.4 staat een overzicht van het onderzoek in de detailhandel van kippenvlees, waarbij voor vers kippenvlees een afwezigheidsnorm alleen geldt voor de twee humaan meest voorkomende serotypen: S. Enteritidis en S. Typhimurium. In vleesbereidingen van pluimveevlees (gekruid of gemarineerd vlees en kippengehakt) mag geen enkel *Salmonella*-serotype worden aangetroffen.

- In ~3% van de monsters van vers vlees- en van vleesbereidingen van kip is in 2019 *Salmonella* gevonden; dit is sinds enkele jaren stabiel. Acht keer S. Infantis, twee keer S. Paratyphi B Java, één keer S. Indiana, één keer S. Virchow en één keer S. Typhimurium.

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



Tabel 2.18.4 *Salmonella* spp. in kippenvlees in de detailhandel (Monitoring programma NVWA).

	2012		2013		2014		2015		2016		2017		2018		2019	
	Vlees	Vlees bereiding	Vlees	Vlees bereiding	Vlees	Vlees bereiding	Vlees	Vlees bereiding	Vlees	Vlees bereiding	Vlees	Vlees bereiding	Vlees	Vlees bereiding	Vlees	Vlees bereiding
Samplegrootte	564	672	600	595	586	632	593	674	208	269	231	251	294	299	237	294
% *Salmonella* spp.	6,6	5,4	3,2	3,2	3,9	2,7	3,9	3,6	2,4	1,9	3,0	1,6	3,1	3	3,0	2,0
Paratyphi B Java (%)	43,2	52,8	52,6	42,1	43,5	29,4	26,1	20,8	20	20	14			33	14,3	16,7
Enteritidis (%)	10,8	5,6	10,5	31,6			4,3									
Hadar (%)																
Indiana (%)						5,9										16,7
Infantis (%)	40,5	36,1	26,3	21,1	52,2	58,8	56,5	70,8	60	40	57	75	78	67	71,4	50,0
Virchow (%)										40						16,7
Typhimurium (%)		2,8	5,3				4,3								14,3	
Andere types (%)	5,5	2,7	5,3	5,2	4,3	5,9	8,8	8,4			29	25	22			

In Tabel 2.18.5 is een overzicht gegeven van de overige soorten (rauw) vlees die werden onderzocht afkomstig uit de detailhandel. Het gaat hier om vers vlees en vleesbereidingen van rund of kalf, varken en lam.[86] Hoewel er geen normen voor *Salmonella* gelden voor vers vlees van deze diersoorten, volgt de NVWA wel het voorkomen van onder andere *Salmonella* in dit type product. In gehakt vlees, vleesbereidingen en vleesproducten mag géén *Salmonella* zitten.[58]

- In vers varkensvlees was de prevalentie in 2019 (1,0%) (2017-0,7%, 2018-1,3%) Voor lamsvlees was de prevalentie 0,4% (2016-1,8%, 2017-1,0%, in 2018-0,4%). In vers rund/kalfsvlees is het percentage positieven al jaren onder 1,0% (in 2019 0,8%). Ook in andere onderzochte partijen vers vlees uit de retail is de prevalentie laag.
- In 307 partijen gehakt en vleesbereidingen (anders dan pluimvee) werd drie keer *Salmonella* gevonden (1,0%): monofasische S. Typhimurium in chipolataworst; S. Newport in soepvlees en S. Dublin in rundersaucijs (alle rundvleesbereidingen).
- In 289 partijen rauw te consumeren vlees, zoals filet américain, ossenworst en carpaccio, werd één keer *Salmonella* gevonden (0,3%): S. Dublin in filet américain.
- Bij de groothandel wordt zogenoemd 'exotisch vlees' bemonsterd, zoals kangoeroe, struisvogel, krokodil en kikker(billen). In drie van de 49 onderzochte partijen is *Salmonella* gevonden (6,1%): in één van de twee partijen kikkerbillen (S. Bovismorbificans), en in twee van vier partijen krokodil (*Salmonella* non-enterica subspecies). Deze laatste groep *Salmonella* non-enterica subspecies komt relatief veel voor onder reptielen,[87] maar leidt slechts sporadisch tot infecties bij mensen (in 2019 in totaal tien infecties (1%)).

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

- In één van de 819 (0,1%) monsters verse groenten werd een *Salmonella* gevonden die bij typering een non-enterica species, of mogelijk S. Sipane zou kunnen zijn. In 264 monsters wokgroenten, 280 monsters maaltijdsalades en 75 monsters paddenstoelen (champignon, oesterzwam en shiitake), werd geen *Salmonella* gevonden.
- Van 52 partijen verse kruiden werd in twee deelmonsters van een partij basilicum monofasische S. Typhimurium aangetroffen. Van 63 partijen gedroogde kruiden/specerijen waren een partij kurkuma uit India en een partij zwarte peper uit Vietnam positief voor *Salmonella*. In het monster kurkuma werden twee serotypen gevonden, S. Bareily en S. Newport en in het monster zwarte peper S. Caracas.
- In één van 116 (0,9%) monsters verse mosselen werd S. Braenderup geïsoleerd; in één van 98 monsters levende oesters werd S. Typhimurium gevonden. In 145 monsters gekookte schaal- en schelpdieren, bemonsterd in de detailhandel en productiebedrijven, werd geen *Salmonella* aangetoond.

Tabel 2.18.5 *Salmonella* in 25 g rauw vlees in de detailhandel (Bron: Monitoringprogramma NVWA).

	2013		2014		2015		2016		2017		2018		2019	
	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +
Rund en Kalf	433	0,5	420	0,0	488	0,0	507	0,4	504	0,2	582	0,3	497	0,8
Filet américain	-	-	-	-	-	-	99	1,0	105	0,0	127	0,8	139	0,7
Ossenworst	-	-	-	-	-	-	59	0,0	75	1,3	109	0,0	75	0,0
Varken	704	0.6	763	1,3	788	0,9	271	0,4	278	0,7	313	1,3	297	1,0
Lam	52	0	31	0,0	49	0,0	112	1,8	196	1,0	272	3,7	240	0,4

- Bij ingevroren geïmporteerde gekweekte vis en tropische garnalen werd in twee van de 101 (1,9%) monsters garnalen *Salmonella* gevonden (S. Aberdeen en S. Weltevreden). In 103 monsters Tilapia en 99 monsters Pangasius werd geen *Salmonella* geïsoleerd.
- In 51 monsters vers zeewier werd geen *Salmonella* aangetoond.
- Ook in 299 monsters 'superfoods', zoals lijnzaad, chiazaad, moerbeibes, hennepzaad enzovoort werd geen *Salmonella* gevonden.
- Bij melktaps werden 99 monsters rauwe koemelk en vijf rauwe geitenmelk bemonsterd en hierin werd geen *Salmonella* gevonden.

2.18.3 Bronnen van besmetting

De meeste *Salmonella*-infecties worden veroorzaakt door het eten van besmet voedsel zoals onvoldoende verhitte eieren, rauwe vleesproducten, ongepasteuriseerde zuivelproducten en heel incidenteel door (voorgesneden) rauwe groenten en fruit. De geschatte bijdragen aan de humane salmonellose door reizen, landbouwhuisdieren en hun producten worden getoond in Figuur 2.18.3. Het bronattributiemodel schat de frequentiedistributie van serotypen bij de mens op basis van de frequentie onder de bronnen. Daarbij betrekt men ook het geconsumeerde volume, de besmettingsgraad en de fractie van het voedsel dat rauw of goed doorbakken wordt geconsumeerd.[88, 89] Ook wordt het deel meegenomen dat wordt veroorzaakt door reptielen die als huisdier worden gehouden en waarbij besmetting optreedt via direct contact met de dieren of contact met een door de reptielen besmette omgeving (terrarium).[87]

- Hoewel het de laatste zes jaar niet meer de dominante bron is, waren eieren, evenals in andere Europese landen de afgelopen twintig jaar, meestal de belangrijkste bron van salmonellose. Voor eieren geldt vanaf 2009 dat, indien afkomstig van S. Enteritidis/S. Typhimurium-positieve koppels, deze niet meer op de markt gebracht mogen worden als tafeleieren voor directe humane consumptie (EG-besluit 1237/2007). Deze eieren zijn alleen geschikt voor de ei-verwerkende industrie (zie 2.18.2.3. Monitoring pluimvee). In tegenstelling tot de historisch laagste schatting van ei-gerelateerde infecties in 2018 (18%) ten opzichte van de afgelopen 35 jaar, zien we in 2019 een stijging van het aantal ei-gerelateerde infecties tot 26%. Dit komt vooral door het relatief hogere aantal gemelde S. Enteritidis-infecties in 2019.
- Het aandeel van varkens is nog steeds het hoogst en was in 2019 28%. Dit is lager dan die in 2018 (34%) en is voornamelijk veroorzaakt door het lagere aantal gemelde S. Typhimurium-infecties. Slechts 2% was afkomstig van rund en 6% van kip.
- 7% van de *Salmonella*-infecties werd veroorzaakt door contact met reptielen. *Salmonella* is een commensale darmbacterie bij reptielen.
- Van ~19% kon de bron niet worden geschat of was de *Salmonella*-infectie in het buitenland opgelopen.

2.18.4 Resistentieontwikkeling

De MARAN-rapportage over 2019 beschrijft de resistentie van *Salmonella*-stammen bij mens, landbouwhuisdieren, dierenvoer en voedsel.[90] Over het algemeen zijn de resistentie-niveaus onder *Salmonella* gelijk gebleven ten opzichte van 2018. Dat geldt ook voor de resistentie tegen fluoroquinolonen (18% van alle geteste humane *Salmonella*-stammen was resistent tegen ciprofloxacine), wat de primaire keuze is voor eventuele behandeling. De hoogste niveaus van resistentie tegen ciprofloxacine werd waargenomen onder S. Chester (63%), S. Kentucky (53%), S. Paratyphi B var. Java uit vleeskippen (47%), S. Infantis (45%), en S. Enteritidis (22%). De resistentie tegen ciprofloxacine onder isolaten afkomstig van kippenvlees is het laatste jaar gedaald van 69% in 2018 naar 58% in 2019. Kanttekening hierbij is wel dat het aantal onderzochte isolaten relatief laag is (2017: n = 46; 2018: n= 36; 2019: n= 53).

Het totaal aantal ontvangen *Salmonella*-stammen (alle bronnen) met resistentie tegen derde generatie cefalosporines is voor het eerst sinds 2012 afgenomen. Carbapenem-resistentie is tot dusverre nog niet in *Salmonella* waargenomen, ook niet in 2019. Het overdraagbare colistine-resistente gen *mcr* werd ook

in 2019 niet gevonden. Isolaten die verdacht werden van ESBL-productie werden in 2019 bij 24 isolaten (1,3%, waarvan 1% moleculair bevestigd) aangetroffen waarvan negentien humane isolaten, twee van diervoeder, een van pluimvee, een van varkens, en een van onbekende oorsprong. In totaal betrof het negen verschillende serotypen met S. Infantis, S. Typhimurium (inclusief monofasische) en S. Kentucky als meest voorkomende. Geen ESBL-verdachte isolaten werden aangetroffen op kippenvlees.

Een specifiek onderzoek is uitgevoerd naar de verspreiding van ciprofloxacine-resistente ESBL ($bla_{CTX\text{-}M\text{-}14b}$) producerende S. Kentucky in Europa. In 2016 was er in Nederland sprake van een uitbraak in een verzorgingstehuis met een ESBL-producerende stam. In de nationale surveillance betrof het in Nederland vijf isolaten in 2019. Opvallend is dat ESBL-producerende S. Kentucky tot op heden niet zijn aangetroffen in het dierreservoir. Op basis van evolutionair onderzoek is aangetoond dat deze stammen meerdere keren vanuit Noord-Afrika in Europa zijn geïntroduceerd en nu een stabiele populatie hebben gevormd. Een factor die mogelijk bijdraagt aan de succesvolle verspreiding van deze kloon is het feit dat het $bla_{CTX\text{-}M\text{-}14b}$ op het chromosoom ligt (en dus niet op een plasmide) en niet gemakkelijk verloren gaat.

2.18.5 Conclusies

De afgelopen jaren is de continue dalende trend in *Salmonella*-infecties bij de mens in Nederland gestabiliseerd van rond de 1500 laboratorium-bevestigde gevallen per jaar met een geschatte 26.000 gevallen in de gehele bevolking. Deze stabilisatie lijkt te worden gereflecteerd door de bevindingen in de surveillance van landbouwhuisdieren en monitoring van producten in de detailhandel. Waar de bestrijdingsprogramma's bij landbouwhuisdieren en verbeteringen in de hygiëne van het voedselproductieproces lange tijd effect hebben gehad, lijkt nu een ondergrens bereikt. Opvallend in 2019 was de stijging in humane gevallen met S. Enteritidis-infecties en de daling in infecties met S. Typhimurium. Dit werd ook weerspiegeld in een stijging en in een daling van ei-geassocieerde en varken-geassocieerde infecties. Ook opvallend was dat vanaf 2012 er een significante stijging was in het aandeel invasieve infecties ten opzichte van het totaal aantal *Salmonella*-infecties. Dit betrof voornamelijk S. Enteritidis en S. Typhimurium. Alhoewel er in 2019 een aantal clusters werden gedetecteerd, was het een relatief rustig jaar wat betreft uitbraken (de laatste grote uitbraak dateert van 2016/2017 met S. Enteritidis in Poolse eieren). WGS speelt een steeds belangrijkere rol in de surveillance bij het detecteren van clusters en het relateren van bronnen aan uitbraken waarbij enerzijds (voor S. Enteritidis) minder clusters worden gedetecteerd ten opzichte van MLVA vanwege de hogere resolutie, en anderzijds grotere clusters, omdat diffuse en langgerekte clusters beter worden geïdentificeerd. Alhoewel redelijk stabiel, is de resistentie tegen fluoroquinolonen nog steeds een zorg, evenals multiresistentie en ESBL-producerende *Salmonella*-isolaten.

2.19 STEC

Ingrid Friesema, Joke van der Giessen, Angela Hoek, Menno van der Voort

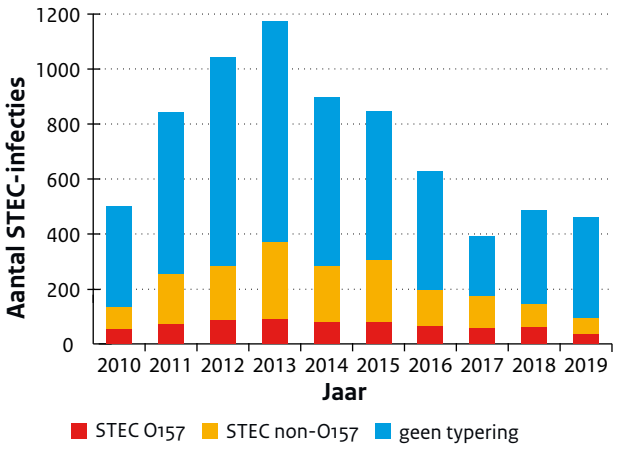
2.19.1 STEC bij mensen

Infecties met Shiga toxine-producerende *Escherichia coli* (STEC) kunnen asymptomatisch verlopen, maar ook leiden tot milde tot ernstige (bloederige) diarree. Gemiddeld ontwikkelt 2 tot 7% van de met STEC geïnfecteerde personen het Hemolytisch Uremisch Syndroom (HUS) met hemolytische anemie, thrombocytopenie en acute nierinsufficiëntie.[91]
De meest toegepaste methode voor subclassificatie is serotypering, die gebaseerd is op O- en H-antigenen. Serotype O157 evenals de aanwezigheid van eae (E. coli attaching-and-effacing gen) en bepaalde typen stx (shigatoxinen) geven een verhoogd risico op HUS. Sinds januari 1999 bestaat er een humane surveillance van STEC O157-infecties in Nederland. In datzelfde jaar is STEC O157 ook humaan meldingsplichtig geworden. In 2007 is STEC non-O157 opgenomen in de surveillance. Per 1 juli 2016 zijn de meldingscriteria voor STEC gewijzigd, waarbij de focus van de meldingsplicht is beperkt tot acute infecties met minimaal symptomen van diarree, bloed in de ontlasting en/of braken.[92] Deze wijzigingen leiden ertoe dat de infecties met langdurige, vaak milde symptomen en (mogelijke) toevalsbevindingen niet langer meldingsplichtig zijn. Nadeel hiervan is dat er een trendbreuk in het aantal STEC-meldingen is ontstaan.
Het aantal meldingen in 2019 was vergelijkbaar met 2018 (Figuur 2.19.1). In totaal werden 459 patiënten met een STEC-infectie gemeld. Het aantal STEC O157- (n=35) en STEC non-O157-infecties (n=59) lag wel lager dan in de voorgaande jaren, doordat er minder isolaten van gemelde patiënten worden ingestuurd voor typering. Van de overige patiënten in 2019 kon de infectie niet bevestigd worden in het ingestuurde isolaat (n=24) of was er geen isolaat ingestuurd (n=341).

Iets meer vrouwen (61%) dan mannen werden gediagnosticeerd met een STEC-infectie. Van de STEC O157-patiënten werd 37% opgenomen in een ziekenhuis (33-54% in eerdere jaren) ten opzichte van 25% van de

STEC non-O157-patiënten (11-24% in 2009-2017). HUS werd gemeld voor 22 patiënten, waarvan twaalf jonge kinderen (0-6 jaar), drie oudere kinderen/tieners (9-16 jaar) en zeven volwassenen (21-81 jaar); 64% was vrouw. Bij zeven HUS-patiënten was de O-typering bekend: twee keer O157 (twee jonge kinderen) en vier keer O26 (drie jonge kinderen en één volwassene) en één keer O113 bij een volwassene. Een volwassen vrouw met HUS (O-typering onbekend) is overleden als gevolg van de STEC-infectie. Binnen STEC non-O157 werd STEC O26 (n=17; 29%) het meest gevonden, op afstand gevolgd door STEC O63 (n=5; 8%) en STEC O103 en STEC O111 (beide n=4; 7%). In totaal werden er 25 verschillende O-groepen gevonden, naast twee niet-typeerbare STEC's. Over de gehele periode 2007-2019 waren na O157 (n=853), O26 (n=251), O91 (n=142), O103 (n=118), O146 (n=105) en O63 (n=101) de vijf meest gevonden O-groepen.

Figuur 2.19.1 STEC infecties in Nederland bij de mens.



2.19.2 STEC bij dieren en in voedsel

WFSR onderzocht in opdracht van de NVWA in 2019 binnen twintig monitoringsprojecten voedsel op de aanwezigheid van STEC. STEC wordt voornamelijk geassocieerd met vlees. Om deze reden ligt de focus van het STEC-onderzoek van WFSR/NVWA op diverse soorten vlees (vers vlees, gehakt vlees, vleesbereidingen). Hierbij wordt de aanwezigheid van STEC onderzocht in 25 gram product in de genomen monsters (detailhandel) of partijen (vijf monsters per partij). Een hoge prevalentie werd hierbij gevonden voor retail vers vlees van kleine herkauwers, waarbij in 32 van de 221 monsters (14,5%) een STEC-isolaat werd gevonden. Dit percentage is ongeveer gelijk in de beperkte monitoring op retail-vleesbereidingsmonsters van kleine herkauwers (gehakt, gekruid enzovoort), met vier isolaten in 24 monsters (16,7%). Voor retail-gehakt en -vleesbereidingen (tien isolaten/308 monsters, 3,2%) en retail-kalfsvlees (8/211, 3,8%) werden lagere percentages positieven gevonden dan in 2018 (respectievelijk 6,8 en 6,0%). Voor de andere retail-vleesprojecten zijn percentages onder de 3% positieven gevonden; vlees voor rauwe consumptie (4/290; 1,4%) en vers rundvlees (7/286; 2,4%).

In 2019 is extra aandacht besteed aan de monitoring van groente, waarbij maar in twee gevallen een STEC-isolaat is gevonden. Dit betrof één positief maaltijdsalademonster (uit 264 monsters), en één positief rauw te consumeren groentemonster (819 monsters). Geen positieven zijn gevonden voor 280 wokgroentemonsters. In de projecten op (verse) kruiden is in 2019 één partij geïmporteerde verse kruiden positief bevonden (46 partijen getest). In de monitoringsprojecten op superfoods (263 monsters), mosselen/oesters (45) en zeewier (51) zijn geen isolaten gevonden.

Het landbouwhuisdierenmonitoringsproject op vleeskuikens is in 2019 afgerond, waarbij er twee STEC-isolaten zijn gevonden bij hetzelfde bedrijf in 326 monsters (vijf of zes monsters per bedrijf). Daarnaast is het landbouwhuisdierenmonitoringsproject op varkens van start gegaan, waarbij er 49 STEC-isolaten zijn gevonden op 85 bedrijven (één monster en één isolaat per bedrijf). In het landbouwhuisdierenproject wordt mest onderzocht op de aanwezigheid van STEC.

In totaal werden 74 isolaten in voedsel gevonden, met 32 verschillende O-groepen. Hierbij werd O146:H21 (n=11) het meest gevonden, gevolgd door O113:H21 (n=6) en O113:H4 (n=4). Voor maar één van de isolaten is ook het eae-gen gevonden, een O5-isolaat uit kalfsgehakt. De twee isolaten vanuit het landbouwhuisdierenproject op vleeskuikens zijn O24:H18 isolaten. In het landbouwhuisdierenproject op varkens zijn O100:H30 (n=12) en O8:H9 (n=9) de meest gevonden isolaten.

2.19.3 STEC-attributie

Recent is een Nederlandse attributiestudie, inclusief patiënt-controle-onderzoek uitgevoerd met gegevens en isolaten van patiënten en runderen, schapen en geiten, varkens en pluimvee uit de surveillance van 2011 tot en met 2014.[93] Daaruit blijkt dat ongeveer de helft van de patiënten kan worden toegeschreven aan runderen als reservoir en de O-typen O157, O26, O91 en O103 zelfs 61-75%. Ongeveer een kwart van de infecties kan worden toegeschreven aan schapen en geiten, maar van de STEC-O146-infecties zelfs 71-77%. Varkens en pluimvee zijn kleinere reservoirs van STEC. Kinderen onder de vijf jaar en mannen hadden een verhoogd risico op een STEC-infectie. In de zomer en

herfst, en op het platteland, is het risico op een infectie het hoogst. Verdere risicofactoren waren consumptie van rundvlees, rauw of niet gaar vlees en salami en dergelijke worsten. Binnen de infecties toegeschreven aan runderen als reservoir waren consumptie van rundvlees en filet américain/ossenworst specifieke risicofactoren. Binnen het schapen- en geitenreservoir waren dit consumptie van gehakt en rauw en ongaar vlees.

2.20 Toxoplasmose

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

Toxoplasmose, veroorzaakt door de obligaat intracellulaire protozo *Toxoplasma gondii*, is wereldwijd één van de meest voorkomende (voedsel-gerelateerde) parasitaire zoönosen.[94,95] De kat is de eindgastheer van deze parasiet. Na een eerste infectie scheidt een kat gedurende een paar weken in totaal miljoenen oöcysten uit met de feces, die in de omgeving eerst moeten rijpen voordat ze tot een nieuwe infectie kunnen leiden. In de tussengastheer (alle warmbloedigen, onder andere landbouwhuisdieren zoals schaap, geit, varken en rund) ontwikkelen zich cysten in verschillende weefsels (onder andere spieren, lever, hersenen). Knaagdieren, andere kleine zoogdieren en vogels zijn vooral belangrijk als bron van infectie voor de kat. Katten raken gemakkelijk geïnfecteerd door opname van weefselcysten[96] en jagen is het belangrijkste risico voor infectie bij katten in Nederland.[97] Mensen kunnen geïnfecteerd raken via het eten van niet van tevoren ingevroren en niet goed verhit vlees waarin zich weefsel-cysten bevinden. Ook kan een infectie opgelopen worden door opname van rijpe oöcysten, bijvoorbeeld tijdens het tuinieren (met kattenfeces besmette grond) of consumptie van met oöcysten besmette groenten of fruit. Daarnaast kan er nog overdracht plaatsvinden via weefseltransplantaties. Bovendien kan *T. gondii*, als een vrouw voor het eerst een infectie oploopt tijdens de zwangerschap, via de placenta worden overgedragen op het ongeboren kind (congenitale infectie).

2.20.1 *Toxoplasma* bij mensen

Bij de meeste mensen verloopt een infectie asymptomatisch of geeft het milde klachten (moeheid, koorts en gezwollen lymfeknopen), maar er kan ook een ontsteking van het vaat- en netvlies van het oog optreden. Een congenitale infectie kan leiden tot een miskraam of een kind geboren met afwijkingen aan het zenuwstelsel of de ogen. Deze afwijkingen in de ogen kunnen soms pas na tientallen jaren dusdanige klachten geven dat zij aan het licht komen. Ook bij mensen met een immuundeficiëntie door ziekte of medicamenteuze onderdrukking van het immuunsysteem voor bijvoorbeeld orgaantransplantaties, kunnen ernstige ziekteverschijnselen optreden. Op basis van de geschatte incidentie van twee kinderen met een congenitale toxoplasmose per 1.000 levendgeborenen per jaar, behoort toxoplasmose tot de belangrijkste zoönotische en voedsel-overdraagbare infecties in Nederland. De ziektelast wordt geschat op 1.900 DALY's per jaar, waarmee toxoplasmose de belangrijkste voedsel-overdraagbare ziekteverwekker is na *Campylobacter*.[34]

Toxoplasmose is geen meldingsplichtige ziekte volgens de Wpg (zie paragraaf 2.2) en is niet opgenomen in het screeningprogramma voor zwangeren in Nederland. De diagnostiek wordt door verschillende soorten laboratoria (MML, klinisch-chemisch, huisartsen-lab enzovoort), op verzoek van verschillende soorten aanvragers (verloskundigen, gynaecologen, oogartsen, internisten, bedrijfsartsen) uitgevoerd, waardoor geen goed inzicht bestaat van (de trend in) het aantal gevallen per jaar. In oktober 2016 is het RIVM gestart met een onderzoek, waarbij recent geïnfecteerde patiënten geïncludeerd worden via veertien medisch-microbiologische laboratoria, verspreid door Nederland. Door de vragenlijstgegevens van patiënten te vergelijken met de gegevens van controlepersonen die seronegatief testten voor antistoffen tegen *T. gondii* worden de risicofactoren voor infectie met *T. gondii* in Nederland onderzocht (*Toxoplasma* Brononderzoek). De patiënten-inclusie loopt in ieder geval nog door tot eind 2020.

2.20.2 *Toxoplasma* bij dieren

Een *T. gondii*-infectie verloopt bij dieren vaak symptoomloos, hoewel (congenitale) toxoplasmose met neurologische en oculaire verschijnselen of abortus kan optreden. Bij kleine herkauwers is het een belangrijke oorzaak van verwerpen.[98] Er is geen monitoringssysteem voor landbouwhuisdieren in Nederland. De gegevens in Tabel 2.20.1 komen uit onderzoeksprojecten of vanuit klinische of exportdiagnostiek.

De klassieke vleeskeuring inclusief visuele keuring geeft geen uitsluitsel of een karkas met *T. gondii* besmet is. Een onderzoek gefinancierd door de EFSA om meer helderheid te krijgen in nauwkeuriger en makkelijker toepasbare methoden voor vleeskeuring, heeft aangetoond dat serologische diagnostiek onvoldoende betrouwbaar blijkt om besmetting van productiedieren en vlees uit te sluiten: het is mogelijk dat serologisch negatieve dieren toch cysten in het vlees hebben. Voor kleine herkauwers, varkens en kippen kan serologie wel gebruikt worden om te bepalen welke bedrijven een

hoog besmettingsniveau hebben. Bij rund en paard is de overeenkomst tussen serologische resultaten en de detectie van cysten in het vlees zo slecht, dat serologie ook niet geschikt is voor het opsporen van positieve bedrijven.[99, 100, 101]

In een bronattributiestudie is berekend dat binnen de vleesgerelateerde infecties in Nederland rundvlees een veel groter aandeel heeft aan humane *T. gondii*-infecties dan varkensvlees, schapenvlees en gemengde vleesproducten bij elkaar.[102] Rundvlees is, in tegenstelling tot schapenvlees, relatief weinig besmet, maar door de veelvuldige rauwe consumptie ervan (vooral filet américain), is het geschatte aandeel in humane infecties hoog. Echter, rauwe vleesproducten bevatten meestal toevoegingen zoals zout, lactaat en acetaat en uit een vervolg op de bronattributiestudie blijkt dat het effect van zouten veel invloed heeft op het geschatte risico voor dergelijke vleesproducten.[103] Er wordt gewerkt aan een in vitro-methode om de overleving van *T. gondii* in vlees te bepalen,[104] zodat uitgebreid kan worden onderzocht in welke mate de procesmaatregelen gebruikt voor de bereiding van rauwe vleesproducten zoals filet américain leiden tot inactivatie van *T. gondii*. Ook wordt binnen het *One Health European Joint*-programma vanaf 2020 tot medio 2022

Tabel 2.20.1 *Toxoplasma* in dieren.

Diersoort	Positief/totaal geteste monsters (% positief)								
	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019
Runderen	0/210 (0)[1]	0/144 (0)[1]	0/202 (0)[1]	0/506 (0)[1]	19/100 (19%)[4]*	-	-		
Runderen	-	-	-	-	2/100 (2%)[5]*	-	-		
Geiten	3/18 (16,7%)[1]	4/11 (36,4%)[1]	4/14 (28,6%)[1]	0/30 (0)[1]	-	-	-		
Geiten	-	-	-	221/1.664 (13,3%)[4]	2/8 (25%)[3]	-	1/7[3]	5/5[3]	1/6[3]
Schapen	3/33 (9,1%)[1]	8/24 (33,3%)[1]	6/36 (16,7%)[1]	6/66 (9,1%)[1]	-	-	-		
Schapen	-	-	-	-	3/3 (100%)[3]	-	-		14/16[3]
Honden	3/76 (4%)[2]	1/52 (2%)[2]	11/7[1] (15%)[2]	15/58 (26%)[2]	11/84 (13.1%)[2]	22/145 (15.2%)[2]	26/168 (15,5%)[2]	79/222 (35,6%)[2]	50/244 (20,5%)[2]
Honden	-	-	-	-	0/3 (0)[3]	0/7[3]	0/11[3]	0/3[3]	0/3[3]
Katten	0/23 (0%)[2]	2/18 (11%)[2]	2/24 (8%)[2]	5/26 (19%)[2]	2/32 (6.3%)[2]	11/33 (33.3%)[2]	7/43 (16,3%)[2]	15/64 (23,4%)[2]	24/91 (26,4%)[2]
Katten	-	-	-	-	0/4 (0)3	-	-		
Vlees-varkens	-	7/780 (0.9%)[4]	-	-	-	-	-		
Vlees-varkens[6]		2.0% (n=55681)	1.6% (n=41151)	2.8% (n=38752)	2.1% (n=44462)	1.4% (n=46294)			
Ratten	-	-	2/53[4] (3,8%)	-	-	-	-		

[1] *Gegevens GD, aantal geteste verworpen vruchten (mèt placenta 2008-2013, met en zonder placenta 2014) en het aantal uitslagen daarvan positief a.d.h.v. macroscopie en indien die afwijkt histologie*
[2] *Gegevens VMDC, op basis van patiënten diagnostiek ((IgM- serologie)*
[3] *Gegevens WBVR, vanuit aangevraagde testen voor (export) diagnostiek (2015: LAT, vanaf 2016: ELISA)*
[4] *Gegevens RIVM, op basis van steekproef-serologie*
[5] *Gegevens RIVM/WBVR, op basis van muizenbioassay*
[6] *Seroprevalentie gecorrigeerd voor bedrijfstype (conventioneel/biologisch) en regio (provincie)*
* *Het betreft dezelfde 100 runderen*

op verschillende manieren meer inzicht verkregen in bronattributie voor *T. gondii* in Europa.[105]

Daarnaast heeft het RIVM verschillende interventiemaatregelen voor de preventie van toxoplasmose in Nederland doorgerekend in een maatschappelijke kosten-batenanalyse.[106] Om met vaccinatie van katten effect te bereiken, is een onrealistisch hoge vaccinatiegraad nodig. Het invriezen van risicovolle vleesproducten levert netto baten voor de samenleving, terwijl het verhogen van de *biosecurity* op varkensbedrijven weinig effectief blijkt.[107] Vanuit de WUR is de economische effectiviteit van het verhogen van *biosecurity* op varkensbedrijven benaderd door het punt uit te rekenen waarbij de kosten gelijk zijn aan de baten (*break-even-analyse*). Naar schatting kan maximaal € 453 tot € 8292 per jaar per hoog-risico-vleesvarkensbedrijf worden uitgegeven aan de preventiemaatregelen (bijvoorbeeld knaagdierbestrijding, afdekken van voer en castratie van katten).[108] Dit is afhankelijk van de sensitiviteit en specificiteit van serologische monitoring en de effectiviteit van de maatregelen. In hoeverre het in de praktijk mogelijk is de besmetting in varkens terug te dringen door serologische testen in het slachthuis, gevolgd door interventiemaatregelen op positieve bedrijven, wordt verder onderzocht. Voorafgaand aan dit onderzoek is van 2012 tot 2016 op grote schaal serologische screening bij vleesvarkens uitgevoerd. De seroprevalentie, welke varieerde van 1,4% in 2016 tot 2,8% in 2018, was hoger bij biologisch gehouden dieren en piekte in de winter.[109] Daarnaast is een vragenlijst naar de kennis over *T. gondii* en de mogelijkheden en motivatie om *T. gondii*-maatregelen te nemen, ingevuld door 69 Nederlandse varkenshouders in 2018. Hieruit werd geconcludeerd dat, hoewel veel varkenshouders kennis hebben over de bronnen en gevolgen van *T. gondii*-infecties bij varkens, de gevolgen voor de volksgezondheid nog niet algemeen bekend zijn. Nederlandse varkenshouders blijken te verschillen in mogelijkheden en motivatie om *T. gondii*-infecties te bestrijden.[110]

2.21 Trichinellose

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

Trichinella komt wereldwijd voor in wilde en gedomesticeerde dieren. Er zijn meerdere soorten *Trichinella*, waarvan *T. spiralis* wereldwijd voorkomt en de voor de mens meest belangrijke soort is, hoewel alle *Trichinella*-soorten tot ziekte kunnen leiden bij de mens. Andere soorten, zoals *T. britovi* in Europa en West-Afrika, T8 in Zuid-Afrika, T9 in Japan, *T. nativa* (inclusief een apart genotype, T6) in Arctische gebieden, *T. nelsoni* in Afrika, *T. murelli* in Noord-Amerika en *T. patagoniensis* in Zuid-Amerika, komen voornamelijk in wilde dieren voor.[111, 112] Na opname van de larven door consumptie van besmet vlees komen de larven in de dunne darm vrij. Ze dringen de darmwand binnen en ontwikkelen zich daar tot volwassen mannetjes en vrouwtjes. Na bevruchting produceren de vrouwtjes levende larven in de darm. Deze larven gaan door de darmwand heen en kapselen zich in in spiercellen van hun gastheer. Langs deze weg kan *Trichinella* opgenomen en verspreid worden in spiercellen, waar ze jarenlang kunnen overleven en zich niet verder ontwikkelen. Pas als die gastheer wordt opgegeten door een vlees- of alleseter kan de ontwikkeling van *Trichinella* doorgaan. Als de gastheer sterft, kunnen *Trichinella*-spierlarven in het afstervende spierweefsel nog lange tijd in leven blijven. In de spieren van dode dieren overleven trichinen weken tot maanden in gematigde gebieden[113] en tot maanden of een jaar in koude gebieden (*T. nativa*).[114] Overigens zijn er ook soorten die geen kapsel vormen in de spieren (*T. pseudospiralis*, *T. papuae* en *T. zimbabwensis*). Deze soorten kunnen ook vogels (*T. pseudospiralis*) of koudbloedige dieren (*T. papuae* en *T. zimbabwensis*) infecteren.[115] Van de ongekapselde *Trichinella*-soorten, kent *T. pseudospiralis* een wereldwijde verspreiding en is ook in Nederland aangetoond in een wild zwijn. Mensen kunnen geïnfecteerd raken met *Trichinella*-parasieten door het eten van rauw of onvoldoende verhit vlees (meestal varkensvlees, paardenvlees of vlees van wilde zwijnen). De verschijnselen zijn afhankelijk van de *Trichinella*-soort, de hoeveelheid opgenomen larven en waar de larven zich bevinden (darm, rondtrekkend of in de spieren).[116] Trichinellose kan zeer heftig en lethaal verlopen.

2.21.1 *Trichinella* bij dieren

Consumptiedieren, die gevoelig zijn voor *Trichinella* spp., moeten volgens EU-wetgeving worden onderzocht door middel van de kunstmatige verteringsmethode (Tabel 2.21.1).[117] Het risico is echter marginaal wanneer varkens binnen worden gehouden en daarom is in 2015 de EU-wetgeving dusdanig aangepast dat in principe

slachtvarkens, die onder gecontroleerde *biosecurity*-condities (*controlled housing*) gehouden worden, niet meer getest hoeven te worden in Europa.[117] In Nederland vindt controle van alle varkens, paarden en wilde zwijnen voor *Trichinella* nog wel steeds plaats tijdens de slachtfase en wordt gedaan door één (vleesvarken) tot vijf gram (paard en wild zwijn) spiervlees van een predilectieplaats van elk karkas te onderzoeken op het voorkomen van *Trichinella*. Hoewel het risico op een infectie bij varkens die onder *controlled housing*-systemen worden gehouden dus minimaal is, bestaat er een risico voor buitengehouden varkens en wild, omdat *Trichinella* endemisch voorkomt in gevoelige wilde omnivore en carnivore dieren (wildcyclus). Het RIVM-CIb is referentielaboratorium voor voedsel-overdraagbare en zoönotische parasieten en borgt de kwaliteit op het routinematige onderzoek van *Trichinella* bij slachtdieren. In Nederland worden alle consumptiedieren nog steeds getest met de kunstmatige verteringsmethode. Het RIVM verricht onderzoek naar het voorkomen en de dynamiek van *Trichinella* bij wild en de volksgezondheidsrisico's van de wildcyclus voor de veehouderij en de mens. In 2019 zijn 15.791.062 slachtvarkens, 2.020 slachtpaarden en 5.012 wilde zwijnen routinematig onderzocht op *Trichinella*. Geen van de dieren is positief bevonden. Monitoring van *Trichinella* vindt alleen nog plaats door de slachthuis-controles, en sinds 2016 is de serologische monitoring van wilde zwijnen stopgezet, zodat er geen inzicht meer is in laaggradige infecties in de wildcyclus.

2.21.2 *Trichinellose* bij mensen

De diagnostiek van *Trichinella* berust vooral op serologie. De serologie wordt in Nederland alleen uitgevoerd door het RIVM in Bilthoven. De sera worden gescreend met een ELISA en bij een positief resultaat bevestigd door een immunoblot. Bij bijzondere resultaten wordt overlegd met het referentiecentrum in Rome (*EU Reference Laboratory for Parasites*, ISS, Dr. E. Pozio). Bij een patiënt werd in 2019 een laag positieve reactie gevonden in de ELISA, die echter niet bevestigd kon worden in de immunoblot. Deze reactie kan worden veroorzaakt door een infectie in het verleden of door een aspecifieke reactie. Daarnaast werd bij een 28-jarige vrouw een positieve reactie gevonden die wel kon worden bevestigd. Dit betrof een patiënte die klachten van gastro-enteritis gevolgd door spierpijn en tintelingen en lichte eosinofilie en CPK-stijging heeft gekregen na een reis naar Kenia. Zij werd behandeld met albendazol en prednison en de klachten zijn sindsdien langzaam aan het verminderen. De conclusie is dat er in Nederland in 2019 bij een patiënte serologisch een trichinellose werd vastgesteld, opgelopen in het buitenland.

2.22 Tuberculose

Marcel Spierenburg, Erika Slump, Ad Koets

In Nederland wordt tuberculose bij de mens in circa 97% van de gevallen veroorzaakt door *Mycobacterium tuberculosis*, in 1% van de gevallen door *M. africanum* (vergelijkbaar met *M. tuberculosis*) en in 1-1,5% door

Tabel 2.21.1 *Trichinella* in dieren (Bron: NVWA, RIVM).

Diersoort	Positief/getest									
	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019
Varken slachthuis[a]	0/ 14.016.937	0/ 14.520.834	0/ 14.689.622	0/ 13.827.352	0/ 14.638.062	0/ 15.044.253	0/ 14.903.515	0/ 15.241.457	0/ 15.782.576	0/ 15.791.062
Paarden/ pony's[a]	0/3.434	0/5.063	0/7.727	0/4.819	0/4.464	0/3.387	0/3.755	0/2.753	0/2.453	0/2.020
Wilde zwijnen										
Wild[a]	0/2.504	0/1.332	0/3.238	0/1.835	0/1.960	0/1.111	0/3.307	0/5.169	0/4.570	0/5.012
Wild[b]	0/441	0/458	0/688	0/602	0/861	2/512	-	-	-	-
Knaagdieren (wild)[b]	-	0/94 (1)	-	0/46	2/135	-	-	-	-	-
Wasbeer-honden[a]	-	-	-	-	1/7	-	-	0/14	-	-
Bevers[a]	-	-	-	-	-	-	-	-	0/7	0/14
Vossen[a]	34335	0/260	-	0/37	-	-	-	-	-	-

a Digestie
b Serologie

M. bovis. Van deze drie subspecies is alleen *M. bovis* een zoönotische verwekker. Andere zoönotische *Mycobacterium*-species die in uitzonderlijke gevallen tuberculose veroorzaken, zijn bijvoorbeeld *M. caprae*, *M. microti*, *M. orygis* en *M. pinnipedii*, maar deze spelen in Nederland bij mensen nauwelijks een rol.

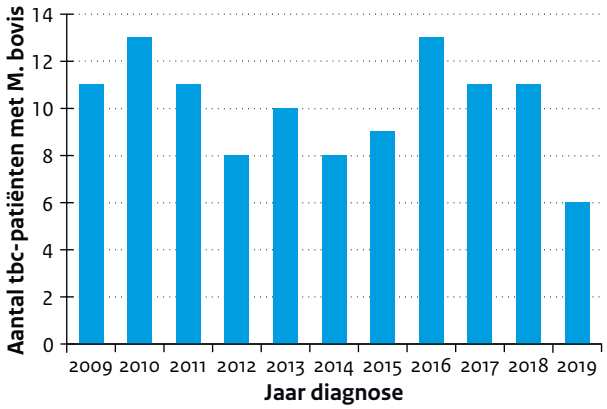
2.22.1 *Mycobacterium bovis*-infecties bij de mens

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

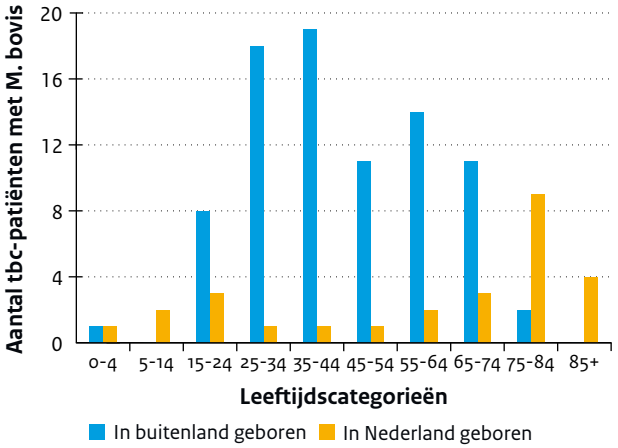
In 2019 zijn er zes meldingen gedaan van tuberculose veroorzaakt door *M. bovis*. Er waren geen meldingen waarbij de ziekte veroorzaakt werd door een van de andere zoönotische Mycobacterium-species. Alle zes patiënten (100%) waren in het buitenland geboren en hadden tuberculose buiten de longen (extrapulmonale tuberculose).

In de periode 2009-2019 zijn in totaal 111 meldingen gedaan van tuberculose veroorzaakt door *M. bovis*, gemiddeld tien per jaar. Figuur 2.22.1 geeft een overzicht per jaar. Van 111 patiënten waren er 27 (24%) geboren in Nederland en 84 (76%) in het buitenland. De leeftijdsdistributie van patiënten met een door *M. bovis* veroorzaakte tuberculose verschilt sterk naar land van herkomst; 56% (zestien van 27) van de in Nederland geboren patiënten was ouder dan 65 jaar, terwijl slechts 15% (dertien van 84) van de in het buitenland geboren patiënten tot die leeftijdscategorie behoorde (Figuur 2.22.2).

Figuur 2.22.1 Tuberculosemeldingen *M. bovis* per jaar (Bron: NTR, RIVM-Cib).



Figuur 2.22.2 Leeftijdsverdeling *M. bovis* infecties van 2009-2019.



In de periode 2009-2019 had 23% van de patiënten een longtuberculose en 77% extrapulmonale tuberculose.

2.22.2 *Mycobacterium bovis*-infecties bij dieren

De tuberculosebewaking bij landbouwhuisdieren in Nederland is vooral gebaseerd op de slachthuisbewaking (keuring na het slachten). Daarnaast vindt onderzoek door middel van tuberculinatie plaats bij export van dieren naar derde landen (landen buiten de EU), bij fokdieren voor kunstmatige-inseminatie-waardigheid op spermawinstations en bij klinische verdenkingen in met name dierentuinen. Na signalering van besmette bedrijven in het buitenland, vindt bij de dieren die zijn geïmporteerd in Nederland vanuit deze buitenlandse besmette bedrijven, tuberculinatie plaats. Deze dieren zijn geïmporteerd vóórdat het buitenlandse bedrijf van oorsprong als besmet werd aangemerkt.

In 2019 werden door WBVR in totaal 48 monsters onderzocht door middel van PCR en bacteriële isolatie, in het kader van slachthuisbevindingen, positieve tuberculinaties, organen met verdachte sectiebeelden, diagnostiek en/of traceringen van dieren afkomstig uit het buitenland, waarbij op het bedrijf van herkomst tuberculose is vastgesteld. Deze monsters waren afkomstig van runderen, varkens, een bever, een toekan, een tijger en een aap. De rundermonsters waren in 2019 afkomstig van vijftien klinisch verdachte runderen die na positief tuberculinatie-onderzoek door de NVWA zijn overgenomen en ingestuurd naar WBVR voor een bacteriologisch onderzoek en afkomstig van zes slachtrunderen die na post mortem keuringsbevinding als tumoren ingestuurd zijn door de NVWA vanuit het slachthuis naar WBVR ook voor een bacteriologisch onderzoek.

In vier van deze monsters (afkomstig van Ierse importrunderen) is de tuberculoseverwekker *M. bovis* aangetoond middels isolatie. In de overige monsters zijn geen tuberculoseverwekkers aangetoond, evenmin als bij 38 monsters ingezonden voor screening van overige dieren (onder andere olifanten, antilopen en een zeeleeuw, alle uit dierentuinen).

Er zijn 61 overige inzendingen ontvangen (onder andere voer/bedding-materiaal en van diverse (dierentuin) dieren) voor onderzoek op de aanwezigheid van mycobacteriën. Alle ingezonden materialen werden negatief bevonden voor PCR-gebaseerde detectie van tuberculose-complex-bacteriën.

2.23 Tularemie

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

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

Na decennia van afwezigheid in Nederland wordt vanaf 2011 bij patiënten weer incidenteel tularemie vastgesteld. In de periode 2011-2018 betrof dit in totaal negentien gevallen van tularemie bij mensen. De infecties komen verspreid over Nederland voor, waarbij het tot nu toe steeds om individuele, op zichzelf staande gevallen gaat, met uitzondering van één casus uit 2014, waarbij twee patiënten werden besmet door het hanteren/villen van eenzelfde haas. Bij slechts een deel van alle Nederlandse gevallen kon de bron van besmetting met zekerheid worden achterhaald. Besmettingsroutes die bij deze mensen werden gemeld, waren een insecten- of dazenbeet, contact met een dode haas, hovenierswerkzaamheden en deelname aan een modderrace. Tularemie is sinds november 2016 een humane meldingsplichtige ziekte voor artsen en hoofden van laboratoria volgens de Wet publieke gezondheid.

2.23.1 Tularemie bij mensen

De diagnose tularemie is gesteld in vier patiënten met een eerste ziektedag in 2019, waarbij twee van de patiënten de besmetting waarschijnlijk in het buitenland hebben opgelopen. Bij de eerste patiënt, een volwassen man woonachtig in Zuid-Nederland, ontstonden in mei klinische verschijnselen als vergrote en pijnlijke lymfeklieren, tonsillitis, diarree, koorts, hevige hoofdpijn en misselijkheid. De patiënt werd opgenomen in het ziekenhuis en met behulp van PCR op een klierpunctaat uit de hals is *F. tularensis* aangetoond. De patiënt heeft de besmetting waarschijnlijk in de Balkan opgelopen, maar er waren geen duidelijke aanwijzingen voor een bepaalde transmissieroute. De tweede patiënt, een kind uit Noordwest-Nederland, werd in juli na ziekenhuisopname in Zuid-Europa gediagnosticeerd met tularemie aan de hand van een positieve PCR en positieve serologie. Klinische verschijnselen waren regionale en cervicale lymfadenopathie en koorts zonder focus. Gezien het ziektebeloop en de incubatietijd is de bron in Nederland geweest. Mogelijke plaats van besmetting is de Waddeneilanden, waar het gezin in juni 2019 verbleef. Het meisje is op een Waddeneiland in haar schouder gebeten door een teek. Koorts ontstond twee dagen na het ontstaan van de tekenbeet. De locatie van de tekenbeet was passend bij de lymfadenitis. Naast de tekenbeet zijn geen andere mogelijke bronnen gemeld. De derde patiënt, een volwassen man uit Noordwest-Nederland, is in augustus ziek geworden in Noord-Amerika en had regionale lymfadenopathie. Eerder in dezelfde maand was hij in natuurgebieden in West-Europa geweest. De transmissieroute is mogelijk een insectenbeet in het buitenland geweest. In oktober is bij hem in Nederland *F. tularensis* aangetoond middels PCR op pus. De patiënt is niet opgenomen geweest in het ziekenhuis. De vierde patiënt betrof een volwassen man uit Oost-Nederland, die in december ziek is geworden met klachten als koorts, keelpijn en conjunctivitis, vier dagen na het jagen op hazen in Oost-Nederland. De man is waarschijnlijk besmet geraakt tijdens het villen van de geschoten hazen. De diagnose tularemie werd gesteld aan de hand van positieve serologie.

2.23.2 Tularemie bij dieren

In 2019 is *Francisella tularensis*-infectie bij zes hazen (*Lepus europaeus*) uit verschillende gemeenten aangetoond. Deze hazen waren afkomstig uit de provincies Gelderland (juli), Limburg (november), Noord-Holland (oktober), Overijssel (april en oktober) en Utrecht (september). Vijf van de vindlocaties lagen in gemeenten waar nog niet eerder gevallen waren geweest.

Eind juni werd een grote sterfte van veldmuizen (*Microtus arvalis*) in Friesland gerapporteerd. Om te bepalen of zij mogelijk besmet waren met tularemie, zijn 101 veldmuizen onderzocht met *real-time* PCR.[118] Er waren geen positieve veldmuizen.

Dertien bevers (*Castor fiber*), vooral afkomstig uit Limburg, zijn opportunistisch onderzocht om te bepalen of zij besmet waren met *F. tularensis*. Zij waren allemaal negatief.

2.23.3 Tularemie in water

In 2019 werden geen watermonsters geanalyseerd, omdat geen van de vastgestelde tularemie-besmettingen bij mensen of hazen hiertoe aanleiding gaven. Voor de humane casussen (die tularemie in Nederland hadden opgelopen) werd een tekenbeet of contact met hazen als waarschijnlijke besmettingsbron aangewezen. Bij dode dieren met tularemie als waarschijnlijke doodsoorzaak wordt water in de omgeving alleen onderzocht als er sprake is van een cluster van dode dieren en dat was niet het geval.

2.23.4 Clades van tularemie

In Europa wordt tularemie vrijwel uitsluitend veroorzaakt door *F. tularensis* subspecies *holarctica*, waarvan op basis van fylogenetisch onderzoek een aantal basale clades kunnen worden onderscheiden, met een duidelijke geografische verspreiding. De belangrijkste clades zijn de zogenoemde B.6 die voornamelijk wordt gevonden in westelijke en centrale delen van Europa, terwijl clade B.12 in Centraal- en Oost-Europa voorkomt. Beide typen komen ook in Nederland voor. Van de vier humane casussen uit 2019 is geen kweek ingezet, waardoor er niet voldoende materiaal voor genotypering was.

2.24 Voedsel-gerelateerde uitbraken

Ingrid Friesema

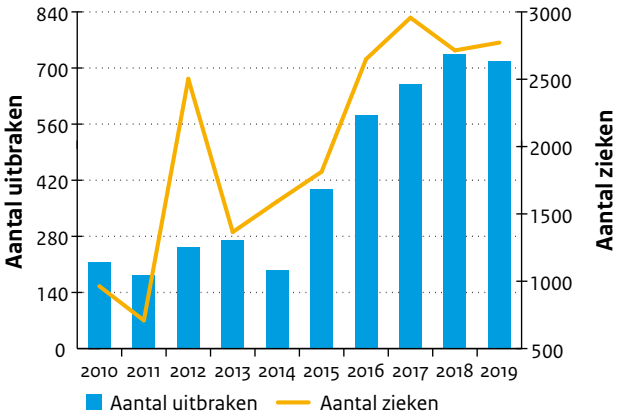
Het aantal geregistreerde voedsel-gerelateerde uitbraken in Nederland is gebaseerd op de meldingen die zijn geregistreerd door de NVWA en de wettelijk verplichte meldingen in Osiris van de behandelende artsen via de GGD'en bij het RIVM-CIb. De meldingen worden vervolgens samengevoegd en waar een uitbraak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

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

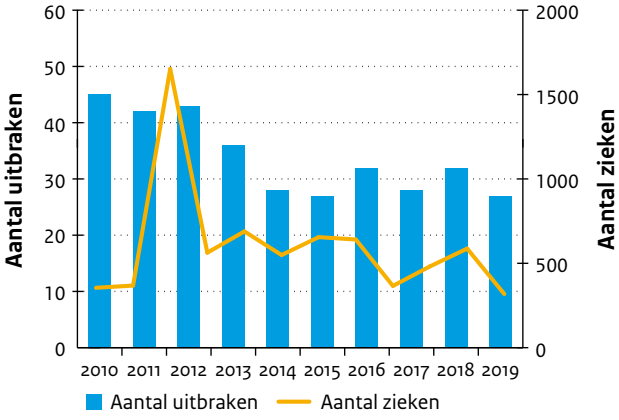
Sinds 2015 worden alle meldingen van uitbraken (dat wil zeggen twee of meer zieken) bij de NVWA ingevoerd in Osiris, ongeacht of naar aanleiding van deze meldingen een inspectie en/of monstername heeft plaatsgevonden. Meldingen betreffende enkele ziektegevallen en anonieme meldingen, uitgezonderd meldingen van grote uitbraken, worden niet meer ingevoerd. Dit is anders dan voorgaande jaren, waarbij de invoer beperkt was tot de niet-anonieme meldingen van zowel enkele ziektegevallen als uitbraken waarbij monstername plaatsgevonden heeft. Door technische problemen bij de NVWA konden de in 2018 bij de NVWA gemelde uitbraken vorig jaar niet op tijd beschikbaar gemaakt worden. Daarom komt er in 2020 een rapport uit met daarin de voedsel-gerelateerde uitbraken uit zowel 2018 als 2019.

De NVWA registreerde in 2018 en 2019 respectievelijk 736 en 717 meldingen van voedsel-gerelateerde uitbraken, waarbij 2.714 en 2.772 mensen ziek werden (Figuur 2.24.1). Dit is, evenals in 2016 en 2017, een stijging in het aantal uitbraken, maar het aantal zieken ligt tussen de aantallen van 2016 en 2017 in. In 2018 en 2019 kwamen bij het RIVM-CIb respectievelijk 32 en 27 meldingen van voedsel-gerelateerde uitbraken binnen. Dit is vergelijkbaar met de 27-32 meldingen in 2014-2017. Het aantal zieken betrokken bij deze meldingen was respectievelijk 366 en 482 zieken, wat minder is dan de 549-689 zieken in 2014 2017 (Figuur 2.24.2).

Figuur 2.24.1 Aantal meldingen en de betrokken zieken van voedselinfecties en -vergiftigingen bij de NVWA.

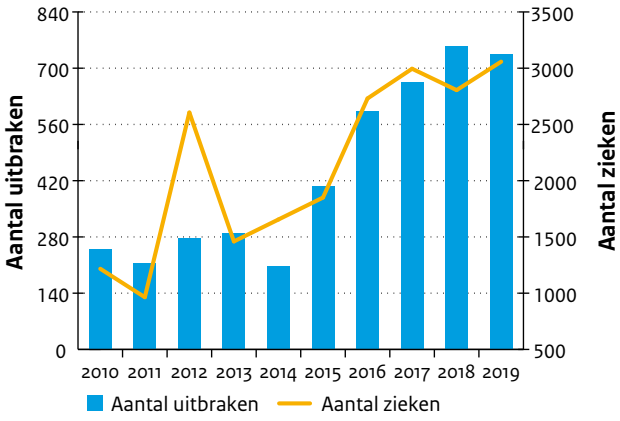


Figuur 2.24.2 Aantal meldingen en de betrokken zieken van voedselinfecties en -vergiftigingen bij het RIVM-CIb.



Door beide instanties samen werden 756 voedsel-gerelateerde uitbraken met 2.805 ziektegevallen (2018) en 735 voedsel-gerelateerde uitbraken met 3.058 ziektegevallen geregistreerd (2019) (Figuur 2.24.3), waarbij sommige uitbraken bij beide instanties zijn gemeld. Deze getallen zijn echter een onderschatting, omdat niet iedere zieke de NVWA informeert of naar de huisarts gaat, waarbij deze laatste in veel gevallen geen meldingsplicht heeft. De meerderheid van de uitbraken bestond uit twee tot en met vier zieken (82-83%), gevolgd door vijf tot en met negen zieken (12-13%). In 2018 waren er vier uitbraken met 35 of meer zieken, variërend van 38 tot en met 132 zieken. In 2019 waren er elf grote uitbraken met 35 tot en met honderd zieken.

Figuur 2.24.3 Totaal aantal meldingen en de betrokken zieken van voedselinfecties en -vergiftigingen bij het RIVM-CIb.



In beide jaren werd bij 6% van de uitbraken melding gemaakt van een ziekteverwekker (2018: 44 uitbraken; 2019: 42 uitbraken). Meestal werd alleen een ziekteverwekker bij één of meer patiënten aangetroffen (4%; 2018: 29 uitbraken; 2019: 26 uitbraken), in 1% van de uitbraken werd een ziekteverwekker in voedsel- en/of omgevingsmonsters aangetoond (2018: negen uitbraken; 2019: tien uitbraken) en in bijna 1% van de uitbraken werd de ziekteverwekker in één of meer patiënten en voedsel- en/of omgevingsmonsters aangetoond (2018: zes uitbraken; 2019: zes uitbraken).

Norovirus veroorzaakte beide jaren de meeste uitbraken (n=16 en 17; vijftienmaal aangetoond in omgevingsmonsters, vijfmaal in omgevingsmonsters en ontlasting, tweemaal in oesters en eenmaal in kokkels, eenmaal op bonbons en in ontlasting, negenmaal alleen in ontlasting) en meeste zieken (n=370 en 375). Het aantal norovirus-uitbraken is daarmee lager dan in 2017 (n=25), maar iets hoger dan 2016 (n=1%). Het aantal zieken is wel vergelijkbaar met de twee voorgaande jaren (2016: 380 zieken; 2017: 352 zieken). In 2018 waren er meer meldingen van *Campylobacter*-uitbraken (dertien uitbraken) dan *Salmonella*-uitbraken (zeven uitbraken). In 2019 lagen de aantallen precies andersom. Beide jaren waren er meer *Salmonella*-zieken (vijftig en 148 zieken) dan *Campylobacter*-zieken (dertig en zeventien zieken). Driemaal werd *Listeria monocytogenes* als ziekteverwekker gemeld in 2019, waarvan eenmaal de bron vleeswaren uit een verwerkingsfabriek waren die gedurende drie jaren (2017-2019) 35 zieken veroorzaakte. Histamine veroorzaakte ook drie uitbraken (2018: twee; 2019: één), waarbij in één de histamine ook in de tonijn aangetoond kon worden. In 2018 werd in een groentegerecht *Staphylococcus aureus* aangetroffen. De andere gemelde ziekteverwekkers, alle alleen bij patiënten aangetroffen, waren

hepatitis A-virus (twee uitbraken, 2018), shigatoxine-producerende *Escherichia coli* (STEC; twee uitbraken, 2018), Giardia (2018: één; 2019: één) en *Dientamoeba fragilis/Blastocystis hominis* (2019: één uitbraak).

De opvallendste uitbraken waren de bovengenoemde *Listeria*-uitbraak, twee *Salmonella*-uitbraken met ieder ruim vijftig gemelde zieken veroorzaakt door eieren (2019) en twee *Salmonella*-uitbraken waarbij de zieken door de w*hole-genome sequence database* met alle beschikbare humane en niet-humane isolaten gelinkt konden worden aan respectievelijk varkenskarkassen uit een slachthuis (2018) en kip (zowel slachthuis-monsters als importkip, 2019).

De mediane gerapporteerde ziekteduur was vergelijkbaar voor campylobacteriose met vijf dagen (range 2-32 dagen, zeven uitbraken) en salmonellose met 4,5 dag (2-21 dagen, zes uitbraken). De ziekteduur van norovirus was korter met twee dagen (1-42 dagen, tien uitbraken).

2.25 Geraadpleegde literatuur

1. *Centraal Bureau voor de Statistiek: StatLine*. [cited 2020; Available from: *https://opendata.cbs.nl/statline/#/CBS/nl/*.
2. *Feiten & Cijfers: Gezelschapsdierensector 2015*. 2015, HAS Hogeschool Den Bosch, Faculteit Diergeneeskunde (Universiteit Utrecht).
3. Maassen, C.B.M., et al., *Staat van Zoönosen 2011*, in *Staat van Zoönosen*, RIVM, Editor. 2012, RIVM: Bilthoven.
4. *Royal Schiphol Group: Feiten & Cijfers 2019*. 2020 [cited 2019; Available from: *https://www.schiphol.nl/nl/schiphol-group/pagina/feiten-en-cijfers/*.
5. *Vademecum zoönosen 2014*, N. RIVM, Editor. 2014, RIVM, NVWA.
6. *Gezondheidswet*. 1956.
7. *Besluit publieke gezondheid, Hoofdstuk IV. Infectieziektenbestrijding*. 2008.
8. *OIE World Animal Health Information System (WAHIS+)*. OIE.
9. *RIVM, LCI-Richtlijn Antrax*. 2002, RIVM: Bilthoven.
10. *A History of Anthrax*. 2016; Available from: *https://www.cdc.gov/anthrax/resources/history/index.html*.
11. *EU Animal Disease Notification System ADNS*. 2020.
12. *Regeling preventie, bestrijding en monitoring van besmettelijke dierziekten en zoönosen en TSE's*. 2015.
13. Spickler, A.R., *Avian Influenza Factsheet*. 2016, Iowa State University/OIE.
14. Maassen, C.B.M., et al., *Infectierisico's van de veehouderij voor omwonenden*, RIVM, Editor. 2012, RIVM: Bilthoven.
15. Maassen, C.B.M., et al., *Veehouderij en Gezondheid Omwonenden*, RIVM, Editor. 2016, RIVM: Bilthoven.
16. *FAO H7N9 Situation update*. 2019; Available from: *http://www.fao.org/ag/againfo/programmes/en/empres/h7n9/situation_update.html*.
17. *Influenza at the human-animal interface; Summary and assessment*, W.H. Organization, Editor. 2018, World Health Organization.
18. Kang, M., et al., *Epidemiology of human infections with highly pathogenic avian influenza A(H7N9) virus in Guangdong*, 2016 to 2017. Euro Surveill, 2017. 22(27).
19. RIVM, *LCI-Richtlijn Influenza van dierlijke oorspong*. 2014, RIVM, Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu.
20. RIVM, *LCI-Draaiboek Aviaire influeza*. 2019, RIVM, Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu: Bilthoven.
21. RIVM, LCI-Richtlijn Botulisme. 2019, RIVM, Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu: Bilthoven.
22. Swaan, C.M., I.M. van Ouwerkerk, and H.J. Roest, *Cluster of botulism among Dutch tourists in Turkey, June 2008*. Euro Surveill, 2010. 15(14).
23. De Boer, M.G.J., et al., *Uitbraak van voedsel-gerelateerde botulisme op een minicruise*. Nederlands Tijdschrift voor Geneeskunde, 2009. 153: p. B251.
24. Hintaran, A.D., et al., *Botulisme bij een Poolse arbeider in Zeist*. Tijdschrift voor Infectieziekten, 2017. 12(3): p. 84-87.
25. al., M.e., *Diversity of Group I and II Clostridium botulinum Strains from France Including Recently Identified Subtypen*. Genome Biol Evol, 2016.
26. RIVM, *LCI-Richtlijn Brucellose*. 2007, RIVM, Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu: Bilthoven.
27. RIVM, *LCI-Richtlijn Creutzfeld-Jakob*. 2007, RIVM, Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu: Bilthoven.
28. Greener, M., *vCJD: 30 years later*. Progress in Neurology and Psychiatry, 2015. 19(3): p. 28-30.
29. *Wageningen University & Research: Kwade droes*. Available from: *https://www.wur.nl/nl/OnderzoekResultaten/Onderzoeksinstituten/BioveterinaryResearch/Dierziekten/Bacteriele-ziekten/Kwadedroes-1.htm*.
30. Spickler, A.R., *Glanders factsheet*. 2018, Iowa State University/OIE.
31. Van Zandt, K.E., M.T. Greer, and H.C. Gelhaus, *Glanders: an overview of infection in humans*. Orphanet J Rare Dis, 2013. 8: p. 131.
32. *LCI-richtlijn Campylobacter-infecties*. Available from: *https://lci.rivm.nl/richtlijnen/campylobacter-infecties*

33. Bouwknegt, M., et al., *Potential association between the recent increase in campylobacteriosis incidence in the Netherlands and proton-pump inhibitor use – an ecological study.* Euro Surveill, 2014. 19(32).
34. Pijnacker, R., et al., *Disease burden of food-related pathogens in the Netherlands,* 2018. 2019: RIVM Letter report 2019-0086.
35. Mossong, J., et al., *Human Campylobacteriosis in Luxembourg, 2010-2013: A Case-Control Study Combined with Multilocus Sequence Typing for Source Attribution and Risk Factor Analysis.* Sci Rep, 2016. 6: p. 20939.
36. Mughini Gras, L., et al., *Risk factors for campylobacteriosis of chicken, ruminant, and environmental origin: a combined case-control and source attribution analysis.* PLoS One, 2012. 7(8): p. e42599.
37. Doorduyn, Y., et al., *Risk factors for indigenous Campylobacter jejuni and Campylobacter coli infections in The Netherlands: a case-control study.* Epidemiol Infect, 2010. 138(10): p. 1391-404.
38. *Rapportage Campylobacter monitoring 2019 op Nederlandse vleeskuikenslachterijen* 2020, NEPLUVI: Houten.
39. Swart, A.N., et al., *Microbiological criteria as a decision tool for controlling Campylobacter in the broiler meat chain.* 2013: RIVM briefrapport 30331008/2013.
40. *Rapportage Campylobacter monitoring* 2018. Available from: *https://www.nepluvi.nl/dynamic/media/1/documents/Campylobacter/Rapportage_Campylobacter_monitoring_2018.pdf*.
41. *Verordening (EU)* 2017/1495.
42. *Commission Regulation (EC) No 2073/2005 of 15 November 2005 on microbiological criteria for foodstuffs*. Available from: *https://eur-lex.europa.eu/legal-content/EN/TXT/?uri=CELEX:02005R2073-20200308*.
43. *Eindrapportage Campylobacter 2019-2019, 2e en 1e convenant.* Available from: *https://www.nepluvi.nl/page/244/eindrapportage-campylobacter-2019-2013-2e-1e-convenant.html*.
44. Roon van A., e.a., *Surveillance van zoönosenverwekkers in de melkgeiten en schapenhouderij.* Tijdschr Diergeneeskd 2018,143(12):35-37, 2018.
45. Cuperus T., e.a. *Surveillance zoönosen in vleesrunderen 2017*. 2019; Available from: *https://www.rivm.nl/bibliotheek/rapporten/2019-0081.pdf*.
46. Veldman, K.T., et al., *Monitoring of Antimicrobial Resistance and Antibiotic Usage in Animals in the Netherlands in 2019.* 2020.
47. Stijnis, C., et al., *First case of Echinococcus vogeli infection imported to the Netherlands, January 2013. Euro Surveill, 2013.* 18(15): p. 20448.
48. Uiterwijk, M., et al., *Staat van Zoönosen 2015,* RIVM, Editor. 2016, RIVM: Bilthoven. p. 88.
49. Spierenburg, M.A.H., et al., *Risico op herintroductie van Echinoccus granulosus in Nederland door import van runderen en honden uit endemische gebieden.* Tijdschr Diergeneeskd, 2017. 142(7): p. 30-35.
50. van der Giessen, J.W., et al., *Detection of Echinococcus multilocularis in foxes in The Netherlands.* Vet Parasitol, 1999. 82(1): p. 49-57.
51. Maas, M., et al., *Significant increase of Echinococcus multilocularis prevalence in foxes, but no increased predicted risk for humans*. Vet Parasitol, 2014. 206(3-4): p. 167-72.
52. Maas, M., et al., *First findings of Trichinella spiralis and DNA of Echinococcus multilocularis in wild raccoon dogs in the Netherlands.* Int J Parasitol Parasites Wildl, 2016. 5(3): p. 277-279.
53. Maas, M., et al., *Vossenlintwormonderzoek in Groningen en Drenthe: 2016-2017.* 2017, RIVM: Bilthoven.
54. Uiterwijk, M., et al., *Staat van Zoönosen 2016, in Staat van Zoönosen*. 2017, RIVM: Bilthoven.
55. Pijnacker, R., et al., *Marked increase in leptospirosis infections in humans and dogs in the Netherlands, 2014.* Euro Surveill, 2016. 21(17).
56. *Listeriose kleine herkauwers.* Available from: *https://www.gddiergezondheid.nl/listeriose-kleine-herkauwers*.
57. RIVM, *LCI-Richtlijn Listeriose. 2016*, RIVM, Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu: Bilthoven.
58. *Verordening (EG)* nr. 2073/2005, E. Union, Editor. 2005.
59. Maes, P., et al., *Taxonomy of the family Arenaviridae and the order Bunyavirales: update 2018.* Arch Virol, 2018. 163(8): p. 2295-2310.
60. Verner-Carlsson, J., et al., *First evidence of Seoul hantavirus in the wild rat population in the Netherlands.* Infect Ecol Epidemiol, 2015. 5: p. 27215.
61. Reusken, C., *Towards a monitoring and surveillance system for rodent-borne diseases in the Netherlands.* 2010, RIVM: Bilthoven.
62. Sachse, K., et al., *Emendation of the family Chlamydiaceae: proposal of a single genus, Chlamydia, to include all currently recognized species.* Syst Appl Microbiol, 2015. 38(2): p. 99-103.
63. Heijne, M., et al., *One health-samenwerking in de aanpak van psittacose. Nederlands Tijdschrift voor Medische Microbiologie, 2017.* 25(2): p. 43-49.
64. RIVM, *LCI-Richtlijn Psittacose.* 2019, RIVM, Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu: Bilthoven.
65. van der Hoek, W., et al., *Omvang van het psittacoseprobleem bij de mens: het belang van betrouwbare diagnostiek. Infectieziektenbulletin,* 2014. 25(2): p. 45-48.
66. Heddema, E.R., et al., *Typing of Chlamydia psittaci to monitor epidemiology of psittacosis and aid disease control in the Netherlands, 2008 to 2013.* Euro Surveill, 2015. 20(5): p. 21026.

67. *Chlamydia abortus verwaarloosbaar risico voor volksgezondheid.* 2012 07-08-2012; Available from: *https://www.rivm.nl/nieuws/chlamydia-abortus-verwaarloosbaar-risico-voor-volksgezondheid*.
68. Ramakers, B.P., et al., *Zoonotic Chlamydia caviae Presenting as Community-Acquired Pneumonia.* N Engl J Med, 2017. 377(10): p. 992-994.
69. Burt, S.A., et al., *Chlamydia psittaci and C. avium in feral pigeon (Columba livia domestica) droppings in two cities in the Netherlands.* Vet Q, 2018. 38(1): p. 63-66.
70. Wheelhouse, N. and D. Longbottom, *Endemic and emerging chlamydial infections of animals and their zoonotic implications.* Transbound Emerg Dis, 2012. 59(4): p. 283-91.
71. Uiterwijk, M., et al., *Staat van Zoönosen 2017*, RIVM, Editor. 2018, RIVM: Bilthoven.
72. *Intracellular Pathogens I: Chlamydiales.* 2012: American Society of Microbiology.
73. De Puysseleyr, K., et al., *Evaluation of the presence and zoonotic transmission of Chlamydia suis in a pig slaughterhouse.* BMC Infect Dis, 2014. 14: p. 560.
74. Hampson, K., et al., *Estimating the global burden of endemic canine rabies.* PLoS Negl Trop Dis, 2015. 9(4): p. e0003709.
75. Bourhy, H., et al., *Molecular diversity of the Lyssavirus genus.* Virology, 1993. 194(1): p. 70-81.
76. Dimmendaal, M., et al., *Een patiënt met rabiës in public health perspectief*. Infectieziektenbulletin, 2019. 30(3).
77. RIVM, *LCI-Richtlijn Rabiës.* 2016, RIVM, Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu: Bilthoven.
78. *Vleermuizen en ziektes.* Available from: *https://www.vleermuis.net/vleermuis-gevonden/vleermuizen-en-ziektes*.
79. *Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals.* 8th ed, ed. OIE. 2018: OIE.
80. *Rabies vaccines: WHO position paper – April 2018.* WHO Weekly epidemiological record, 2018. 93(16): p. 201-220.
81. R. Pijnacker., et al., *A prolonged multi-country outbreak of Salmonella Enteritidis linked to eggs from Poland: a collaborative microbiological and epidemiological study.* The Lancet Infectious Diseases 2019. 19(7): p. 778-786.
82. G.R. Lagerweij, et al., *Disease burden of food-related pathogens in The Netherlands,* 2019. 2020.
83. Mughini-Gras, L., et al., Clin Microbiol Infect.2019 2019.
84. (van der Hoek. W., et al, *Voorkomen en resistentie van Salmonella Infantis bij vleeskuikens en mensen in Nederland.* 2020.
85. Alba, P., et al., *Molecular epidemiology of Salmonella Infantis in Europe: insights into the success of the bacterial host and its parasitic pESI-like megaplasmid.* . Microb Genom., 2020.
86. *Verordening (EG) nr. 853/2004* E. Union, Editor. 2004.
87. Mughini-Gras, L., et al., *Increase in reptile-associated human salmonellosis and shift toward adulthood in the age groups at risk, the Netherlands,* 1985 to 2014. Euro Surveill, 2016. 21(34).
88. Mughini-Gras, L., et al., *Tracing the sources of human salmonellosis: a multi-model comparison of phenotyping and genotyping methods.* Infect Genet Evol, 2014. 28: p. 251-60.
89. Mughini-Gras, L., et al., *Risk factors for human salmonellosis originating from pigs, cattle, broiler chickens and egg laying hens: a combined case-control and source attribution analysis.* PLoS One, 2014. 9(2): p. e87933.
90. Veldman, K.T., et al., MARAN 2019 – *Monitoring of Antimicrobial Resistance and Antibiotic Usage in Animals in The Netherlands in 2018.* 2019, WBVR: Lelystad.
91. RIVM, *LCI-Richtlijn Shigatoxineproducerende E. coli (STEC)-infectie.* 2010, RIVM, Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu: Bilthoven.
92. Friesema, I., et al., Surveillance van STEC in Nederland, 2018. Infectieziektenbulletin, 2019. 30(6).
93. Mughini-Gras, L., et al., *Attribution of human infections with Shiga toxin-producing Escherichia coli (STEC) to livestock sources and identification of source-specific risk factors, The Netherlands (2010-2014).* Zoonoses Public Health, 2018. 65(1): p. e8-e22.
94. Bouwknegt, M., et al., *De ziektelast van voedselgerelateerde infecties in Nederland, 2009-2012.* Infectieziektenbulletin, 2015. 26(1): p. 10-13.
95. Torgerson, P.R., et al., *The global burden of foodborne parasitic diseases: an update*. Trends Parasitol, 2014. 30(1): p. 20-6.
96. Dubey, J.P., *Comparative infectivity of oocysts and bradyzoites of Toxoplasma gondii for intermediate (mice) and definitive (cats) hosts.* Vet Parasitol, 2006. 140(1-2): p. 69-75.
97. Opsteegh, M., et al., *Seroprevalence and risk factors for Toxoplasma gondii infection in domestic cats in The Netherlands.* Prev Vet Med, 2012. 104(3-4): p. 317-26.
98. van den Brom, R., et al., *Abortion in small ruminants in the Netherlands between 2006 and 2011.* Tijdschr Diergeneeskd, 2012. 137(7): p. 450-7.
99. Opsteegh, M., et al., *Relationship between seroprevalence in the main livestock species and presence of Toxoplasma gondii in meat (GP/EFSA/BIOHAZ/2013/01) An extensive literature review. Final report.* 2016, EFSA.
100. Opsteegh, M., et al., *Experimental studies on Toxoplasma gondii in the main livestock species (GP/EFSA/BIOHAZ/2013/01) Final report.* 2016, EFSA.
101. Opsteegh, M., et al., *The relationship between the presence of antibodies and direct detection of Toxoplasma gondii in slaughtered calves and cattle in four European countries.* Int J Parasitol, 2019. 49(7): p. 515-522.

102. Opsteegh, M., et al., *A quantitative microbial risk assessment for meatborne Toxoplasma gondii infection in The Netherlands.* Int J Food Microbiol, 2011. 150(2-3): p. 103-14.
103. Deng, H., et al., *The effect of salting on Toxoplasma gondii viability evaluated and implemented in a quantitative risk assessment of meat-borne human infection.* International Journal of Food Microbiology, 2020.
104. Opsteegh, M., et al., Methods to assess the effect of meat processing on viability of *Toxoplasma gondii*: towards replacement of mouse bioassay by in vitro testing. International Journal for Parasitology., 2020.
105. *https://onehealthejp.eu/jrp-toxosources/*.
106. Suijkerbuijk, A.W.M., et al., *The design of a Social Cost-Benefit Analysis of preventive interventions for toxoplasmosis: An example of the One Health approach*. Zoonoses Public Health, 2018. 65(1): p. 185-194.
107. Suijkerbuijk, A.W.M., et al., *A social cost-benefit analysis of two One Health interventions to prevent toxoplasmosis.* PLoS One, 2019. 14(5): p. e0216615.
108. Van Asseldonk, M., et al., *Break-even analysis of costs for controlling Toxoplasma gondii infections in slaughter pigs via a serological surveillance program in the Netherlands.* Preventive veterinary medicine, 2017: p. 138, 139-146.
109. Swanenburg, M., et al., *Large-scale serological screening of slaughter pigs for Toxoplasma gondii infections in The Netherlands during five years (2012–2016): Trends in seroprevalence over years, seasons, regions and farming systems. Veterinary Parasitology:* X, 2019. 2: p. 100017.
110. van Wagenberg, C.P., et al., *Behavioural factors of Dutch pig producers related to control of toxoplasma gondii infections in pigs.* Preventive Veterinary Medicine, 2020.
111. Krivokapich, S.J., et al., *Trichinella patagoniensis n. sp. (Nematoda), a new encapsulated species infecting carnivorous mammals in South America.* Int J Parasitol, 2012. 42(10): p. 903-10.
112. Pozio, E., *World distribution of Trichinella* spp. *infections in animals and humans.* Vet Parasitol, 2007. 149(1-2): p. 3-21.
113. Jovic, S., et al., *Infectivity of Trichinella spiralis larvae in pork buried in the ground.* Parasite, 2001. 8(2 Suppl): p. S213-5.
114. Lacour, S.A., et al., *Freeze-tolerance of Trichinella muscle larvae in experimentally infected wild boars.* Vet Parasitol, 2013. 194(2-4): p. 175-8.
115. Pozio, E., *The broad spectrum of Trichinella hosts: from cold- to warm-blooded animals.* Vet Parasitol, 2005. 132(1-2): p. 3-11.
116. RIVM, *LCI-Richtlijn Trichinellose.* 2010, RIVM, Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu: Bilthoven.
117. *Uitvoeringsverordening (EU) 2015/1375* E. Union, Editor. 2015.
118. Janse, I., et al., *Environmental surveillance of zoonotic Francisella tularensis in the Netherlands. Frontiers in cellular and infection microbiology,* 2018.

3 Uitgelicht

3.1 Psittacose-verheffing in 2019/2020 en nieuwe tools voor bronopsporing

Frederika Dijkstra, Margreet te Wierik, Edou Heddema, Mauro De Rosa, Daan Notermans, Lenny Hogerwerf, Joke van der Giessen, Marloes Heijne, Ingrid Keur

3.1.1 Verheffing najaar en winter 2019/2020

In het najaar en de winter van 2019/2020 was er sprake van een verheffing van het aantal meldingen (Figuur 2.15.2). Vooral in week 48 2019 t/m week 3 2020 was het aantal meldingen hoger dan in de afgelopen vijf jaren. De piek van ziektegevallen was in week 50 2019. Tot en met week 11 2020 bleef het aantal meldingen nog enigszins verhoogd en liep daarna terug naar rondom het verwachte wekelijkse aantal. In totaal zijn er 66 patiënten gemeld met een eerste ziektedag in de periode 24 november 2019 t/m 15 maart 2020. De meldingen waren in eerste instantie vooral in het oosten van het land verhoogd. Later breidde dit uit naar het midden en zuiden van het land.

Genotypering van *C. psittaci* uit humane patiënten op basis van een gedeelte van het *outer membraneprotein*-gen (*ompA*-genotypering), liet zien dat het in 35 van de 42 patiënten van wie materiaal getypeerd kon worden, genotype A betrof. Dit genotype van *C. psittaci* wordt veelal geassocieerd met papegaaiachtigen. Daarnaast komt dit genotype ook voor bij andere diersoorten, waaronder pluimvee (kippen, eenden, ganzen, parelhoenderen, kalkoenen) en zangvogels, van waaruit het in buitenlandse onderzoeken ook als bron van humane infecties is gerapporteerd (1). Daarnaast werd bij drie patiënten een type gevonden dat sterk lijkt op genotype A (slechts één nucleotide verschil met genotype A in het gesequenste *ompA*-gedeelte); bij drie patiënten werd genotype B gevonden en bij één patiënt een nieuw genotype met één nucleotide verschil met zowel type B als E. Op het materiaal van negen patiënten kon met succes MLST-typering worden toegepast (2). Hieruit zijn drie verschillende stammen naar voren gekomen: genotype A/MLST24 en genotype A/MLST218 en genotype A (met één nucleotide verschil; sterk gelijkende variant) /MLST218. Dit suggereert dat er meerdere bronnen waren, wat – mede gezien de anamnestische blootstellingen – mogelijk op wilde vogels als bron zou kunnen duiden. Genotypering gaf voor deze verheffing geen uitsluitsel over de bron of bronnen, aangezien er geen genotypische match kon worden gemaakt met een directe dierlijke bron (door ontbreken van dierlijk *C. psittaci*-positief materiaal). MLST op elf samples van zes verschillende dierlijke casussen zonder epidemiologisch verband met de verheffing (samples ingestuurd door de NVWA als verdenking van psittacose in de periode juli 2018 t/m december 2019), resulteerde in eenmaal genotype A/MLST24 (gehouden papegaaiachtige) en eenmaal genotype A (sterk gelijkende variant) /MLST218

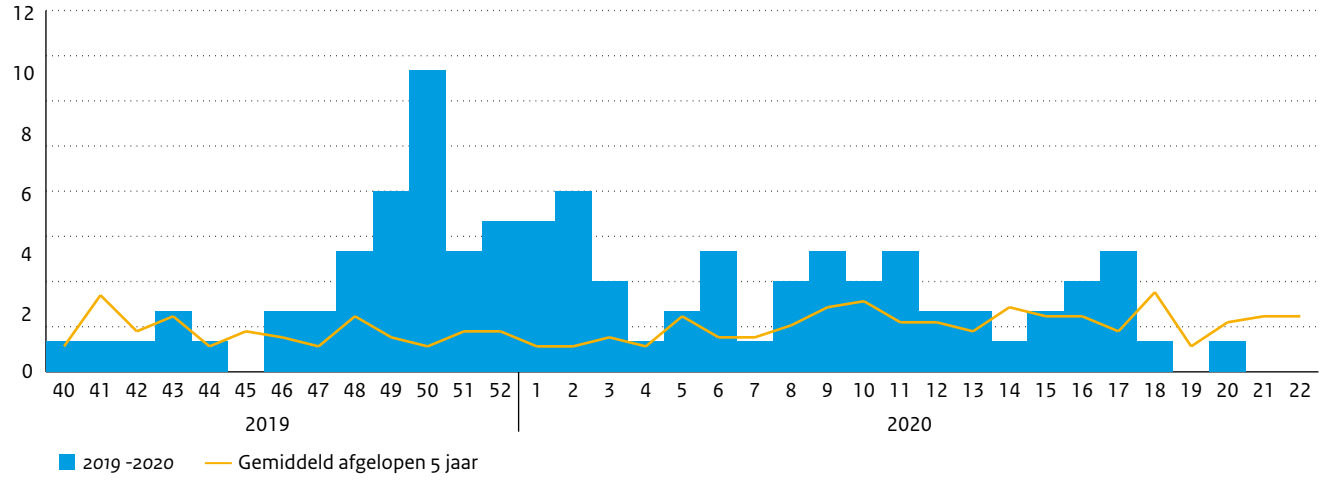
(koolmees). Hierbij moet worden opgemerkt dat voor MLST24 zes van de zeven beschreven loci konden worden getypeerd en voor MLST218 drie van de zeven loci. De dierlijke typeringsresultaten ondersteunen de hypothese dat er meerdere bronnen zijn en wilde (tuin) vogels mogelijk een rol spelen.

Aan het begin van de verheffing konden drie patiënten gerelateerd worden aan hetzelfde multifunctionele gebouw waar onder andere vogelshows werden gehouden. Uit de uitgebreide anamnese die de GGD'en bij de patiënten hadden afgenomen in het kader van de psittacose BronOpsporingsTool in Osiris, kwamen in eerste instantie echter geen andere specifieke locaties of bronnen naar voren waar meerdere patiënten aan gerelateerd konden worden. Daarom werd besloten een patiënt-controle-onderzoek uit te voeren. Hiertoe werd door GGD'en bij patiënten een aanvullende vragenlijst afgenomen waarin blootstelling aan gehouden vogels, wilde vogels en aan knaagdieren werd uitgevraagd in de vier weken voor de eerste ziektedag, evenals bezoek aan locaties waarin zeker of mogelijk vogels of andere dieren waren (geweest). Uit de Gemeentelijke Basis Administratie werd op 18 februari 2020 een aan de patiënten gematchte steekproef getrokken van controlepersonen op leeftijd, geslacht en gemeente. De controlepersonen werden uitgenodigd om een vergelijkbare vragenlijst in te vullen, waarin gevraagd werd naar blootstelling in de maand januari 2020. Een totaal van vijftig patiënten viel binnen de inclusiecriteria. Van deze patiënten was in alle gevallen de basisvragenlijst in Osiris ingevuld. Bij 39 patiënten is ook de aanvullende vragenlijst ingevuld. Een totaal van 392 controles was aangeschreven, waarvan 169 de vragenlijst valide hebben ingevuld. Risicofactoren in het multivariabel eindmodel waren: contact met gehouden vogels (OR = 6.2, 95% BI:2.1-18.7), contact met wilde vogels (OR = 5.8, 95%BI:1.2-26.9), aanwezigheid van een pluimveebedrijf binnen een straal van 5 km van het woonadres (OR = 20.0, 95% BI:1.7-242.2), paardenbedrijf aanwezig binnen een straal van 2 km van het woonadres (OR = 2.6 (95%BI: 0.8-8.0), stedelijkheidsklasse (OR = 1.45 (95%BI: 0.9-2.4) en aanwezigheid van natuur of erf binnen een straal van 25 m van het woonadres (OR = 8.8 (95%BI: 0.3-260.1). De resultaten van dit patiënt-controle-onderzoek wijzen er dus op dat zowel contact met gehouden vogels als contact met wilde vogels als wonen binnen een straal van 5 km van pluimveebedrijven riscofactoren waren voor het oplopen van psittacose tijdens de verheffing van najaar en winter 2019/2020. De resultaten geven geen nieuw handelingsperspectief voor burgers om blootstelling/besmetting te voorkomen. Prevalentie-onderzoek onder wilde vogels die in de nabijheid van mensen voorkomen, bijvoorbeeld van vogels die voederplaatsen bezoeken, kan meer inzicht geven in welke vogelsoorten risico geven op psittacose bij mensen. Zeker als daarbij de positief geteste monsters worden getypeerd en vergeleken met de humane monsters. Om de bevinding van wonen binnen een straal van 5 km van een pluimveebedrijf als risicofactor beter te kunnen duiden, is er aanvullend onderzoek gedaan. Door de Gezondheidsdienst voor Dieren werd op *swabs* van 64 pluimveekoppels ingestuurd voor sectie tijdens de verheffing in 2019/2020 geen *C. psittaci* aangetoond. Bij zes koppels werd wel *C. gallinacea* aangetoond. Eerder werd in 2015 en 2016 tijdens surveillance-onderzoek op 151 Nederlandse leghennenbedrijven geen *C. psittaci* aangetoond in gepoolde mestmonsters (3). Uit deze resultaten lijkt het onwaarschijnlijk dat pluimvee een directe bron van de psittacose-patiënten is geweest, maar zijn indirecte relaties niet ondenkbaar.

3.1.2 Nieuwe tools voor bronopsporing: Plat4m2btpsittacosis

Van oktober 2015 tot eind 2019 is binnen het ZonMw-project Plat4m2btpsittacosis gewerkt aan nieuwe tools voor betere bronopsporing van psittacose. Psittacose is als *proof-of-principle*-zoönose genomen, omdat hierbij bronopsporing een belangrijk onderdeel is en mogelijk verbeterd kan worden door het gebruik van gezamenlijke tools. Uit verschillende studies blijkt dat het aantal meldingen ver achterblijft (40-90 patiënten per jaar) bij het aantal gevallen van *Community Acquired Pneumonia* (CAP) met *C. psittaci* als verwekker (circa 1%), onderrapportage daarom waarschijnlijk is en daardoor de ziektelast mogelijk veel hoger zal zijn (4,5). Door intensivering van de PCR-diagnostiek in medisch-microbiologische laboratoria gecombineerd met de ontwikkeling van een moleculair platform, waarin DNA-sequenties uit humane en dierlijke casussen beter vergeleken kunnen worden en de ontwikkeling van een verbeterde vragenlijst voor de bronopsporing in OSIRIS toegankelijk werd voor zowel GGD als NVWA (de 'bronopsporingstool'), zijn er in dit project grote stappen gemaakt in een *One Health*-samenwerking. Dit heeft geresulteerd in nieuwe inzichten over het voorkomen van psittacose bij dieren, waarbij nieuwe Chlamydia-soorten zijn gevonden (*C. gallinacea* bij kippen), een moleculaire database en platform voor de gezamenlijke opslag en vergelijking van humane en dierlijke casussen en isolaten, de eerder genoemde bronopsporingstool in OSIRIS en de aanpassing van de meldingscriteria voor psittacose, waarbij nu alle zoönotische Chlamydia-soorten meldingsplichtig zijn (5). Ook is duidelijk geworden dat er juridisch nog zaken geregeld moeten worden om data-uitwisseling van medische en veterinaire gegevens mogelijk te maken voor bronopsoringsdoeleinden. Deze '*One Health Legal aspects*' zijn door ZonMw geïdentificeerd als een belangrijk onderwerp voor nadere afspraken.

Figuur 3.1 Aantal meldingen van psittacose naar week van eerste ziektedag. Week 40 2014 - week 22 2020 (Bron: Osiris).



3.2 *Brucella canis* in hondenfokkerij

Vanessa Visser, Mauro De Rosa

Vanuit diverse landen worden honden, waaronder rashonden en ook hondensperma, geïmporteerd. Vooral de import van puppy's lijkt de afgelopen jaren toegenomen. Deze moeten voldoen aan verschillende eisen, waaronder gezondheidsgaranties. Helaas zijn deze garanties beperkt. Een van de potentiële gevolgen hiervan is de introductie van zoönotische ziekteverwekkers die niet eerder in Nederland zijn voorgekomen. Voorbeelden hiervan zijn Leishmania, Babesia *en Brucella canis*.

Humane infectie met *B. canis* is beschreven, maar klinische infecties lijken zeer zeldzaam. Ziekteverschijnselen bij mensen zijn aspecifiek: koorts (vaak recidiverend of nachtelijk), vermoeidheid, hoofdpijn, malaise, zwakte, zweten, gewichtsverlies, lymfadenopathie, hepato- en splenomegalie.

In 2016 is voor de eerste keer een geval van *B. canis* vastgesteld bij honden afkomstig uit Oost-Europa. Deze honden waren geen fokdieren en verdere verspreiding werd destijds niet geconstateerd. Eind 2018 veranderde dit toen een reu uit Rusland bij de dierenarts werd gepresenteerd wegens klachten van koorts en kreupelheid. Bij het initiële bloedonderzoek werd een Anaplasma-infectie gevonden; helaas is het dier niet opgeknapt terwijl de infectie weg bleek bij het vervolgonderzoek. Omdat er op röntgenfoto ook een uitgebreide discospondylitis is gezien, werd gedacht aan een *Brucella canis*-infectie.

Begin 2019 werd deze hond bij de NVWA aangemeld met een *Brucella canis*-verdenking door een positieve serologie. Deze verdenking werd omgezet in een besmetting nadat officiële monsters de serologie bevestigden en de kweek in de urine ook positief is verlopen; de bloedkweek was negatief. Deze hond werd gehouden op een terrein van een fokker waar 72 honden aanwezig waren van drie verschillende rassen. Verschillende van deze dieren zijn geïmporteerd uit landen als Polen, Duitsland en Finland. De honden werden gehuisvest in kennels met verschillende samenstelling. Op het moment dat de besmetting werd vastgesteld, waren er drie nesten puppy's aanwezig.

Als eerste groep zijn de honden van hetzelfde type als de indexhond onderzocht; deze bleken alle drie positief in de serologie. Twee van de drie teven bleken positief in de bloedkweek, terwijl er één positief kweekte in de urine. Deze honden zijn, in overleg met de eigenaar, geëuthanaseerd.

Uit vervolgonderzoek bij 53 volwassen dieren is gebleken dat de infectie zich heeft kunnen verspreiden over alle aanwezige rassen en beide seksen. Bij de geteste puppy's zijn er ook positieve dieren gevonden. Een opvallend feit is dat diverse positief geteste dieren geen klinische verschijnselen vertoonden.

Gezien de uitgebreidheid van de verspreiding en de potentieel verregaande gevolgen voor de fokkerij is er, na uitgebreid overleg met de eigenaar, besloten om alle dieren bij deze fokkerij te euthanaseren en zes maanden leegstand te bewerkstelligen, voordat er op de locatie weer honden gehouden kunnen worden.

In een poging om kopers van puppy's van deze fokkerij te kunnen wijzen op de risico's, is de administratie van de fokkerij bekeken, en is naar voren gekomen dat deze absoluut niet sluitend is geweest. Van meerdere nesten heeft de NVWA adviesbrieven naar de kopers gestuurd. De NVWA heeft geen melding gekregen van een positieve nakomeling, terwijl er wel diverse dieren zijn bemonsterd. Deze bemonstering hebben de pupkopers op eigen initiatief gedaan bij de reguliere dierenarts. Het is niet bekend hoeveel dieren er zijn bemonsterd. De hele procedure heeft elf maanden in beslag genomen en is op 16 december 2019 afgerond met de vrijgave van het terrein.
Deze casus heeft diverse knelpunten naar de oppervlakte laten komen. De identificatie en registratie van honden in Nederland is niet sluitend. Daardoor konden niet alle nakomelingen van deze fokkerij getraceerd worden. Bij de dierenartspraktijk die deze casus gemeld heeft, werd een verhoogd ziekteverzuim bij verschillende medewerkers gemeld. De klachten varieerden van voortplantingsproblemen tot recidiverende verkoudheidsverschijnselen. De, begrijpelijke, zorg over potentiële zoönotische besmetting is moeilijk weg te nemen, doordat er geen gevalideerde test voor humane patiënten in Nederland beschikbaar is. Ook blijkt het lastig om *Brucella canis* buiten de landsgrenzen te houden met de huidige regelgeving. Er is bijvoorbeeld geen importcontrole en geen monitoring.

Mogelijk is er sprake van een onderschatting van het werkelijk voorkomen van deze verwekker. Complicerende factoren zijn dat de incubatieperiode van *B. canis* zeer lang kan zijn, de klachten van een *Brucella*-infectie bij honden aspecifiek zijn, een deel van de infecties zonder klachten verloopt en er onvoldoende inzicht is in de kwaliteit van de diagnostiek (humaan en veterinair, zie bovenstaand). Ten slotte is er onvoldoende kennis over het voorkomen van transmissie en de transmissiekans onder honden.

3.3 Veehouderij en gezondheid omwonenden onderzoeksprogramma

Joke van der Giessen, Wim van der Hoek, Lidwien Smit, Joris IJzermans, Thomas Hagenaars

In het Veehouderij en Gezondheid Omwonenden (VGO) onderzoeksprogramma wordt onderzocht wat het effect is op de gezondheid van mensen die in de nabijheid van veehouderijen wonen. De resultaten van de eerdere VGO-onderzoeken (I en II), gepubliceerd in 2016 en 2017, wijzen op consistente associaties tussen het wonen rondom pluimvee- en geitenbedrijven en een verhoogd risico op longontsteking. Deze verbanden werden al gesignaleerd in het project 'Intensieve Veehouderij en Gezondheid' (IVG), en werden bevestigd in VGO op basis van her-analyse van de huisartsen-gegevens uit 2007-2009 en de vragenlijstgegevens die in 2014/2015 als onderdeel van het medisch onderzoek onder circa 2.500 omwonenden zijn verzameld. In het VGO-II-programma zijn deze waarnemingen over een periode 2007 tot en met 2013 bevestigd, opnieuw op basis van de huisartsengegevens. Het risico op longontsteking is verhoogd in een straal van ongeveer 1 km rondom een pluimveebedrijf en een straal van ongeveer 2 km rondom een geitenbedrijf. Het wonen rond pluimvee- en geitenbedrijven verklaart in het VGO-gebied ongeveer 10-20% van alle gevallen van longontsteking.

Het is echter niet duidelijk of de extra longontstekingen in dit onderzoeksgebied worden veroorzaakt door specifieke ziekteverwekkers die van dieren afkomstig zijn (zoönoseverwekkers), of dat mensen gevoeliger zijn voor longontsteking door de blootstelling aan stoffen die veehouderijbedrijven uitstoten, zoals fijnstof, endotoxines (onderdelen van micro-organismen) en ammoniak. In het VGO-II-onderzoek is wel gekeken of bepaalde zoönoseverwekkers vaker voorkomen in de omgeving van veehouderijen ten opzichte van de rest van het land.

Ziekteverwekkers als hepatitis E-virus, de resistente ESBL-bacteriën (*Extended Spectrum Beta-Lactamase*-bacteriën) en *Clostridium difficile* komen niet vaker voor bij mensen die dicht bij veehouderijen wonen in vergelijking met de algemene bevolking. Wel lijken mensen iets vaker drager te zijn van de vee-gerelateerde MRSA-bacterie, maar hiervan is niet duidelijk of deze verhoging komt door uitstoot vanuit veehouderijen. Verder bleek dat mensen die in de buurt van minimaal vijftien veehouderijen wonen een minder goede longfunctie hebben. Ook is de longfunctie lager als er veel ammoniak in de lucht is. De afstand tot de veehouderij is hierbij niet van invloed. Tot slot bleek uit VGO-II, dat er bij mensen die dicht bij een veehouderij wonen minder astma en neusallergie voorkomt. Dit VGO-onderzoek is uitgevoerd in Noord-Brabant en Limburg.

Hoewel het onduidelijk is wat de oorzaak van de longontstekingen is, is het aannemelijk dat bij pluimvee-houderijen hoge fijnstofconcentraties rond de bedrijven tot een verhoogde gevoeligheid voor longontsteking leiden. Rond geitenhouderijen lijkt dit minder waarschijnlijk, omdat de emissie van geitenhouderijen in tegenstelling tot pluimvee laag is. Ook longontsteking

Figuur 3.3.1 Overzicht van vragen die in VGO-III onderzocht worden.[6]

als gevolg van Q-koorts wordt niet aannemelijk geacht, omdat geiten hiertegen gevaccineerd worden en Q-koorts niet meer voorkomt bij geiten. De resultaten van VGO-II waren de reden voor vervolgonderzoek, dat in 2018 is gestart binnen het nieuwe VGO-III-onderzoeksprogramma. Het doel van het VGO-III-programma is tweeledig: 1. om in VGO-gebied en andere regio's naar het risico van longontstekingen rond veehouderijen te kijken na 2013 en 2. indien dit signaal nog aanwezig is, om de oorzaak (causaliteit) van de verhoogde risico's van longontstekingen te vinden.

Vanaf 2018 zijn binnen het VGO-III-onderzoeksprogramma verschillende vervolgonderzoeken gestart. Allereerst werd het eerdere onderzoek in Noord-Brabant en Limburg herhaald voor de periode 2014-2016. Hieruit bleek dat het verband tussen longontstekingen rond geitenhouderijen consistent is, ook voor de periode 2014-2016 in Noord-Brabant en Limburg (VGO-gebied), maar minder consistent voor omwonenden rond pluimveehouderijen. In het tweede vervolgonderzoek is onderzocht of dit effect ook in andere veehouderijdichte gebieden in Overijssel, Gelderland en Utrecht geldt. In april 2020 is de studie in Gelderland, Overijssel en Utrecht gepubliceerd, waarbij ook in deze regio's een verhoogde kans op een longontsteking werd gevonden voor omwonenden rond geitenhouderijen. Deze twee vervolgstudies laten zien dat er ook in latere jaren een verhoogde kans op longontsteking is voor mensen die rond geitenhouderijen wonen en niet alleen in Noord-Brabant en Limburg, maar ook in Gelderland, Overijssel en Utrecht. Hierdoor lijkt het aannemelijk dat dit een landelijk effect is. Vervolgens zijn in 2019 de voorbereidingen voor drie vervolgstudies gestart. Eén onderzoek richt zich op huisartspatiënten met een longontsteking en een controlegroep, het tweede op geitenhouders en het derde op geitenbedrijven. Deze onderzoeken hebben alle als doel de mogelijke oorzaken van de longontstekingen te vinden. De looptijd van dit onderzoeksprogramma is van december 2018 tot december 2021, met mogelijke uitloop naar 2022. Het onderzoeksprogramma wordt uitgevoerd door een samenwerkend consortium van IRAS, NIVEL, WUR en het RIVM.

Zie ook: *https://www.rivm.nl/veehouderij-en-gezondheid/onderzoek-veehouderij-en-gezondheid-omwonenden-vgo.*

3.4 Geraadpleegde literatuur

1. Hogerwerf L., et al. (2020) *Animal sources for zoonotic transmission of psittacosis: a systematic review. BMC Infect Dis.* 2020; 20: 192.
2. Pannekoek Y., et al. (2010) *Multi Locus Sequence Typing of Chlamydia Reveals an Association between Chlamydia psittaci Genotypes and Host Species. PLoS ONE* 5(12): e14179. doi:10.1371/*journal.pone*.0014179
3. Heijne, M., et al. (2018) *A cross sectional study on Dutch layer farms to investigate the prevalence and potential risk factors for different Chlamydia species. PloS ONE* 13, e0190774.
4. Hogerwerf L., et al. (2017) *Chlamydia psittaci (psittacosis) as a cause of community-acquired pneumonia: a systematic review and meta-analysis. Epidemiol Infect.* 2017 Nov;145(15):3096-3105.
5. *https://lci.rivm.nl/richtlijnen/psittacose*
6. *https://www.rivm.nl/veehouderij-en-gezondheid/onderzoek-veehouderij-en-gezondheid-omwonenden-vgo*

4 Internationale samenwerking op het gebied van zoönosen

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

4.1 Inleiding

Eind 2019 ontstond er vanuit China de omvangrijke uitbraak van COVID-19. COVID-19 wordt veroorzaakt door een nieuw coronavirus (SARS-CoV-2), dat vermoedelijk van dierlijke oorsprong is. Verschillende diersoorten zijn gevoelig gebleken voor het virus, maar de verspreiding van de ziekte berust vooral op besmetting van mens tot mens. Het virus greep snel om zich heen en groeide uit tot een wereldwijde epidemie, oftewel een pandemie.

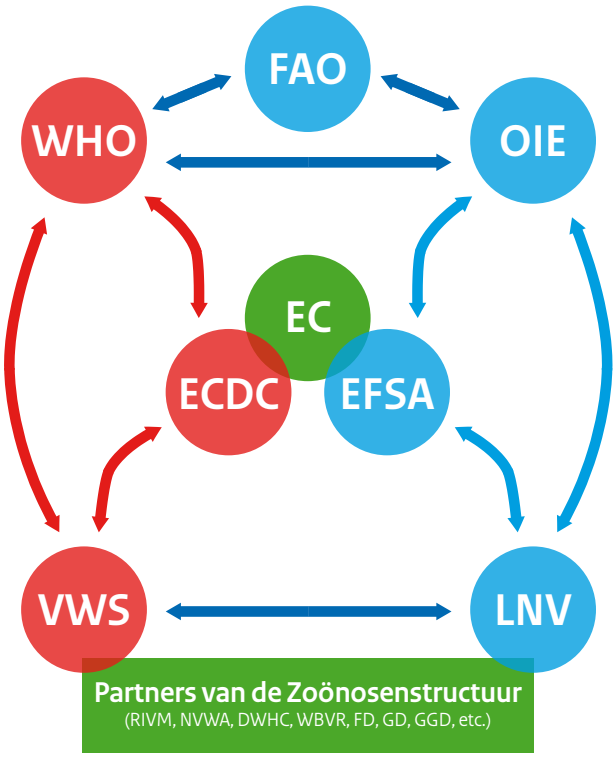
Over de hele wereld zijn er maatregelen genomen om COVID-19 te bestrijden. Internationale samenwerking tussen ministeries, agentschappen, universiteiten, non-gouvernementele organisaties enzovoort, komt daarom vaak in het nieuws. Dit soort internationale samenwerking op het gebied van infectieziekten, inclusief zoönosen, vindt niet alleen plaats ten tijde

van een pandemische crisis. Door toenemende internationale handel in dieren, internationaal toerisme en klimaatverandering is er continue druk op introductie van zoönosen vanuit het buitenland. Daarom wordt er altijd over de grenzen heen samengewerkt om het ontstaan van zoönosen vroegtijdig te signaleren en de verspreiding ervan te beperken.

Bij de bestrijding van zoönosen is het belangrijk dat er naast de verspreiding via mensen ook rekening gehouden wordt met de verspreiding via dieren of voedsel. De samenwerking van de volksgezondheidssector met de veterinaire sector is daarom cruciaal. In figuur 4.1.1 wordt schematisch weergegeven welke organisaties vanuit de verschillende sectoren internationaal samenwerken. Onder de volksgezondheidssector (rood gekleurd) vallen organisaties zoals VWS (Ministerie van Volksgezondheid, Welzijn en Sport), ECDC (Europees Centrum voor ziektepreventie en -bestrijding) en de WHO (Wereldgezondheidsorganisatie). Blauw gekleurd zijn organisaties die vanuit de dierenkant een rol spelen in de beheersing van zoönosen, zoals LNV (Ministerie van Landbouw, Natuur en Voedselkwaliteit), EFSA (Europese Autoriteit voor Voedselveiligheid), OIE (Wereldorganisatie voor Diergezondheid) en de FAO (Voedsel- en Landbouworganisatie van de Verenigde Naties).

In dit hoofdstuk worden belangrijke organisaties die betrokken zijn bij de internationale signalering en beheersing van zoönosen beschreven. Er wordt hierbij ingegaan op welke rol deze organisaties vervullen. Ook wordt een aantal samenwerkingsverbanden uitgelicht tussen organisaties om verspreiding van zoönosen internationaal de kop in te drukken.

Figuur 4.1.1 Overzicht van mondiale, Europese en nationale samenwerkingsverbanden bij de beheersing van zoönosen.



COVID-19
De uitbraak van het nieuwe coronavirus vormt de aanleiding voor het thema van dit hoofdstuk. Het virus dat vanuit Wuhan, de hoofdstad van de provincie Hubei in China uitbrak, is door de Coronavirus Study Group van de International Committee for the Taxonomy of Viruses SARS-CoV-2 genoemd. De ziekte die dit virus bij mensen veroorzaakt, heet 'Coronavirus Disease 2019', afgekort tot COVID-19. Uit genetische vergelijking met andere coronavirussen blijkt dat SARS-CoV-2 het meest verwant is (88% homologie) aan coronavirussen die gevonden zijn bij hoefijzerneusvleermuizen (*Rhinolophus affinis*) uit de provincie Yunnan, China. Echter, het verschil in verwantschap maakt het aannemelijk dat het virus niet direct uit vleermuizen komt, maar via een andere diersoort op de mens is overgedragen. Hoewel de verspreiding van COVID-19 vooral berust op mens-mens-besmetting, wordt ook het dierlijke component van de ziekte scherp in de gaten gehouden. Zo is er in Nederland aangetoond dat nertsen besmet kunnen worden met het virus. Het virus kan op nertsenhouderijen lange tijd circuleren en zodoende mogelijk een reservoir gaan vormen voor het virus. Het is aangetoond dat medewerkers van nertsenhouderijen besmet kunnen worden door de dieren.[1] Door deze zoönotische potentie zijn er in Nederland maatregelen genomen op nertsenhouderijen om verspreiding van het virus via nertsen te voorkomen. Ook andere diersoorten zoals honden, katten, konijnen en fretten blijken gevoelig te zijn voor het virus, maar deze dieren lijken geen risico te vormen voor de volksgezondheid.

4.2 Internationale organisaties die betrokken zijn bij de signalering en beheersing van zoönosen

4.2.1 WHO – World Health Organization

Met de oprichting van de Wereldgezondheids-organisatie (WHO) op 8 april 1948 werd de basis gelegd van waaruit internationale afspraken worden uitgewerkt voor het signaleren en bestrijden van infectieziekten. In 1951 werden de *WHO International Sanitary Regulations* vastgesteld, met een meldingsverplichting voor cholera, pest, gele koorts en pokken. De SARS-uitbraak in 2003 en de toegenomen dreiging van bioterroristische aanslagen na '9/11' vormden de aanleiding voor een grote herziening en uitbreiding van deze afspraken, die in 2005 resulteerde in de *International Health Regulations* (IHR).[2] Een belangrijke aanvulling bij de meldingscriteria zijn opkomende infectieziekten van (nog) onbekende oorsprong, inclusief zoönosen, die een ernstige bedreiging voor de volksgezondheid kunnen vormen en waarbij een risico bestaat op internationale verspreiding, al dan niet gepaard gaand met risico's voor het internationale reizigers- of handelsverkeer. In dit kader heeft China begin januari 2020 een cluster van longontstekingen met onbekende verwekker in Wuhan aan de WHO gemeld. Daarnaast bevatten de IHR bepalingen voor een goed surveillance- en responssysteem. Ook voorzien de IHR in de mogelijkheid een uitbraak tot een *Public Health Event of International Concern* ('PHEIC') uit te roepen, hetgeen de WHO op 30 januari deed voor SARS-CoV-2, toen nog '*novel coronavirus*' geheten.[3] De WHO ontwikkelt meldingscriteria, adviezen voor personen- en handelsverkeer en technische richtlijnen. Zij laat zich met regelmaat door het *Emergency Committee* adviseren over de ontwikkelingen in de uitbraak en of aanvullende adviezen of bepalingen nodig zijn.

In 2013 zijn ook op Europees niveau meldings- en preparatiebepalingen vastgelegd in *EU Decision 1082*.[4] Hierin is tevens de rol van het *European Centre for Disease Prevention and Control* (ECDC) opgenomen, alsmede het beschermde, digitale meldingssysteem *Early Warning & Response System* (EWRS). In dit systeem is inmiddels simultane melding naar de WHO ondervangen. Het RIVM (Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu) fungeert zowel voor de WHO als EWRS als Nederlands *focal point* voor de meldingen.

Zowel de IHR en *EU Decision 1082* voorzien in een monitoring- en evaluatiesysteem. Naar aanleiding van de ebola-uitbraak in West-Afrika is ook een objectieve externe evaluatiesystematiek geïnstalleerd voor de IHR, de *Joint External Evaluation*, waarbij uitkomsten en aanbevelingen openbaar zijn.[5] Op EU-niveau wordt elke drie jaar geïnventariseerd in hoeverre landen voorbereid zijn op nieuwe en opkomende infectieziekten.

Indien in de EU een nieuwe of opkomende infectieziekte, al dan niet van zoönotische aard, gemeld wordt via EWRS, verricht de ECDC een risicobeoordeling. Waar nodig organiseren zij teleconferenties met de betrokken landen om de situatie in kaart te brengen en uitbraakonderzoek op elkaar af te stemmen. In de praktijk vinden deze met enige regelmaat plaats bij, met name, uitbraken van voedselinfecties. Het regiokantoor van WHO Europa, gevestigd in Kopenhagen, is hierbij aangesloten, en borgt informatie naar, en zo nodig afstemming met, andere landen en regio's buiten de EU.

4.2.2 FAO – Food and Agriculture Organization

Het agentschap FAO van de Verenigde Naties, opgericht in 1945, zet zich in voor internationale activiteiten op het gebied van voedselvoorziening, het terugdringen van voedseltekorten in de wereld en de voedselzekerheid.

De FAO heeft zijn hoofdkantoor in Rome, Italië, en heeft regionale kantoren in meer dan 130 landen wereldwijd. De FAO helpt nationale overheden en ontwikkelingsorganisaties met het coördineren van hun activiteiten voor het verbeteren van landbouw en voedselvoorziening. Daarbij is er ook aandacht voor bosbouw, visserij, landgebruik en watervoorziening. De FAO heeft zelf onderzoeksprojecten en levert ook technische ondersteuning bij onderzoeksprojecten van andere organisaties. Daarnaast zijn er ook onderwijsprogramma's en trainingsprogramma's van de FAO en worden data verzameld van landbouwproductie en -ontwikkeling.

De FAO zet zich in voor gezonde en duurzame dierlijke productie en dus ook voor de bestrijding van dierziekten en zoönosen. Een voorbeeld van hoe de FAO bijdraagt aan de bestrijding van zoönosen is de Tripartite. De Tripartite is een samenwerkingsverband tussen de FAO, WHO en OIE dat verder wordt uitgewerkt in paragraaf 4.3.2.

4.2.3 OIE – *Office International des Epizooties*

De OIE is de Wereldorganisatie voor diergezondheid die in 1924 is opgericht door een aantal landen, nadat er in België runderpest was uitgebroken door het importeren van runderen uit India.

De organisatie houdt zich bezig met het verzamelen, analyseren en verspreiden van wetenschappelijke veterinaire informatie, bedoeld om de internationale handel in levende dieren en dierlijke (bij)producten te vergemakkelijken. Sinds 1998 heeft de OIE het

mandaat van de *World Trade Organization* (WTO) om ziektevrije gebieden voor handelsdoeleinden officieel te erkennen. Landen kunnen deze gebieden vrijwillig aan de OIE melden, waarna een procedure voor de officiële erkenning wordt gestart. Momenteel geldt deze procedure voor maar zes dierziekten, waarvan alleen BSE een zoönose is.

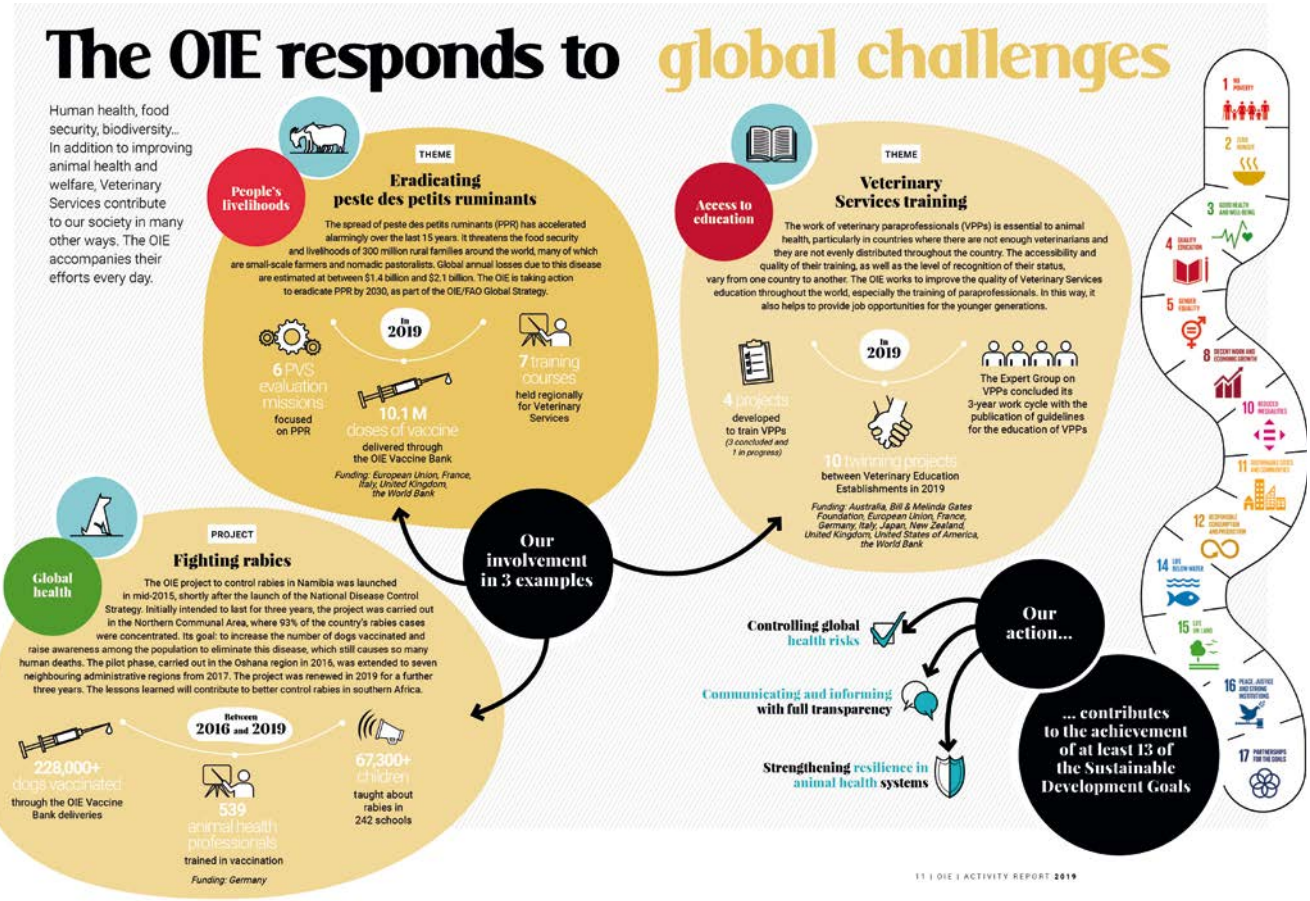
Voor de andere 'OIE-dierziekten' (111 in 2020) kunnen landen de officiële vrijstatus zelf bepalen en notificeren. In dit geval geeft de OIE geen officiële erkenning en beperkt zich tot het verschaffen van de technische eisen en informatie. In paragraaf 2.3 staat de OIE-status voor Nederland wat betreft de relevante zoönosen. Sinds kort is het mogelijk in het *OIE World Animal Health Information System* (WAHIS+)[6] de zoönotische situatie per land en jaar te filteren.

Naast een 'OIE-dierziekte' kan en mag een land een andere dierziekte bij de OIE melden in bijzondere epidemiologische situaties, zoals de varkensinfluenza in 2009 of het voorkomen van COVID-19 in honden in 2020.

De normen van de OIE inzake diergezondheid (en dierenwelzijn) worden opgesteld en bijgewerkt door wetenschappers en andere deskundigen en worden geadopteerd tijdens een jaarlijkse algemene zitting, waar alle afgevaardigden (182 lidstaten in 2020) kunnen stemmen (één land = één stem). De Nederlandse vertegenwoordiging ligt bij de *Chief Veterinary Officer* (CVO) van LNV en wordt gesteund door een commissie met onder andere deskundigen op het gebied van dierziekten en zoönosen van de NVWA.

De OIE heeft in de afgelopen jaren (Figuur 4.2.1) veel energie gestoken in het promoten van internationale solidariteit in de bestrijding van dierziekten -en zoönosen vanuit het *One Health*-principe. Zo is de OIE partner van de Tripartite. Meer informatie over de Tripartite is te vinden in paragraaf 4.3.1.

Figuur 4.2.1 Voorbeelden van OIE-projecten op het gebied van One Health (Uit OIE activity report 2019).



4.2.4 ECDC – *European Centre for Disease Prevention and Control*

De ECDC is het Europees Centrum voor ziektepreventie en -bestrijding. Dit EU-agentschap werd in 2004 opgericht vanwege de behoefte om de samenwerking tussen de lidstaten bij de bestrijding van humane infectieziekten te verbeteren en om sneller en adequaat te kunnen reageren op uitbraken. De kernfuncties omvatten een breed spectrum van activiteiten, zoals het monitoren van trends, faciliteren van netwerken en kennisoverdracht, trainingen, *preparedness*, uitbraakbestrijding, en wetenschappelijk advies. De organisatie geeft ook het tijdschrift *Eurosurveillance* uit.

Het ECDC werkt vanuit een aantal ziekteprogramma's: antimicrobiële resistentie en zorggerelateerde infecties; opkomende en door vectoren overgedragen ziekten; door voedsel en water overgedragen ziekten en zoönosen; HIV, seksueel overdraagbare infecties en virale hepatitis; influenza en andere respiratoire virussen; tuberculose; en door vaccin te voorkomen ziekten. Surveillancedata van landen wordt gedeeld met het ECDC en ondergebracht in *The European Surveillance System* (TESSy). Deze surveillancedata wordt ontsloten en gevisualiseerd middels de *Surveillance Atlas* (*https://atlas.ecdc.europa.eu/public/index.aspx*).

Het *Epidemic Intelligence Information System* (EPIS) heeft tot doel transparante en vroegtijdige informatie-uitwisseling tussen de deelnemende volksgezondheidsautoriteiten te waarborgen. Landen kunnen hiermee snel in een vertrouwelijke setting informatie over clusters en uitbraken delen, om zo de coördinatie van responsactiviteiten te vergemakkelijken. Dit systeem heeft zijn nut meerdere keren bewezen, met name bij grensoverschrijdende voedsel-gerelateerde uitbraken.

4.2.5 EFSA – *European Food Safety Authority*

De EFSA is de Europese Autoriteit voor Voedselveiligheid. Mede naar aanleiding van de dioxinecrisis in 1999, waarbij verontreinigd diervoeder besmetting van levensmiddelen van dierlijke oorsprong op ongekende schaal in de EU veroorzaakte, heeft de Europese Commissie in 2000 een '*White Paper on Food Safety*' uitgebracht. In dit document werden de beginselen van een vernieuwd Europees bestel voor een betere borging van de voedselveiligheid uitgestippeld. Onder andere werd de Algemene Levensmiddelen Verordening opgesteld, waarin de hoekstenen van het huidige Europese voedselveiligheidsbeleid (*farm-to-fork*-benadering, voorzorgbeginsel, scheiding van risicoanalyse en risicomanagement en traceerbaarheid) zijn verankerd en de oprichting van een Europees Voedsel Agentschap geagendeerd.

EFSA werd uiteindelijk in 2002 opgericht. Met dit instituut wordt op Europees niveau invulling gegeven aan de scheiding van risicobeoordeling (EFSA) en risicomanagement (Europese Commissie, Europees Parlement, lidstaten). Alle lidstaten hebben dit voorbeeld onderhand gevolgd. In Nederland werd in 2002 de toen zo geheten Nederlandse Warenautoriteit opgericht, die als Bureau Risicobeoordeling en Onderzoekprogrammering onderdeel van NVWA is geworden. Het werkveld van EFSA is breed en bestrijkt voedsel- en voederveiligheid, diergezondheid en dierenwelzijn, gewasbescherming en plantgezondheid.

De belangrijkste wetenschappelijke output van EFSA zijn risicobeoordelingen, in EFSA-terminologie opinies genoemd. De wetenschappelijke staf van EFSA wordt hierin ondersteund door een aantal wetenschappelijke panels waarin experts uit verschillende landen, ook van buiten de EU, zitting nemen. Adviezen op het gebied van zoönosen komen geregeld onder medewerking van het *Panel on Biological Hazards* (BIOHAZ) tot stand. Het werkterrein van dit panel bestrijkt naast zoönosen ook TSE's (*Transmissible Spongiform Encephalopathies*), levensmiddelenmicrobiologie en -hygiëne.
EFSA-opinies worden in het *EFSA Journal* gepubliceerd[7] en zijn vrij toegankelijk. Een voorbeeld van een recent gepubliceerde opinie betreft *Listeria* in bevroren groente en fruit.[8]

Dataverzameling en -analyse zijn een andere belangrijke taak van EFSA. Op het gebied van zoönosen is vooral de jaarlijkse *European Union One Health Zoonoses Report* (tot 2017 *European Union Summary Report on Trends and Sources of Zoonoses, Zoonotic Agents and Foodborne Outbreaks* geheten), die sinds 2004 verschijnt en vanaf 2009 gezamenlijk met het ECDC wordt uitgebracht, van belang. Sinds 2009 rapporteert EFSA, eveneens in samenwerking met ECDC, jaarlijks over het voorkomen van antimicrobiële resistentie: *European Union summary report on antimicrobial resistance in zoonotic and indicator bacteria from animals and food in the European Union.* Als input voor de rapportages fungeren gegevens die door de lidstaten aan EFSA moeten worden verstrekt. Verder initieert EFSA baselinestudies (nulmetingen) in de lidstaten, waarin met het oog op vergelijkbaarheid volgens hetzelfde referentiekader voor bepaalde zoönotische agentia prevalenties worden bepaald. In de afgelopen jaren zijn onder andere baselinestudies voor *Salmonella*, *Campylobacter* en *Listeria* verricht[9]. De gegevens van de *Salmonella*-baselinestudies bij pluimvee zijn onder andere gebruikt voor het bepalen van de doelstellingen voor de succesvolle Europese bestrijdingsaanpak van *Salmonella* bij deze dieren.

4.3 Internationale samenwerkingsverbanden en -projecten op het gebied van de bestrijding van zoönosen

4.3.1 Tripartite

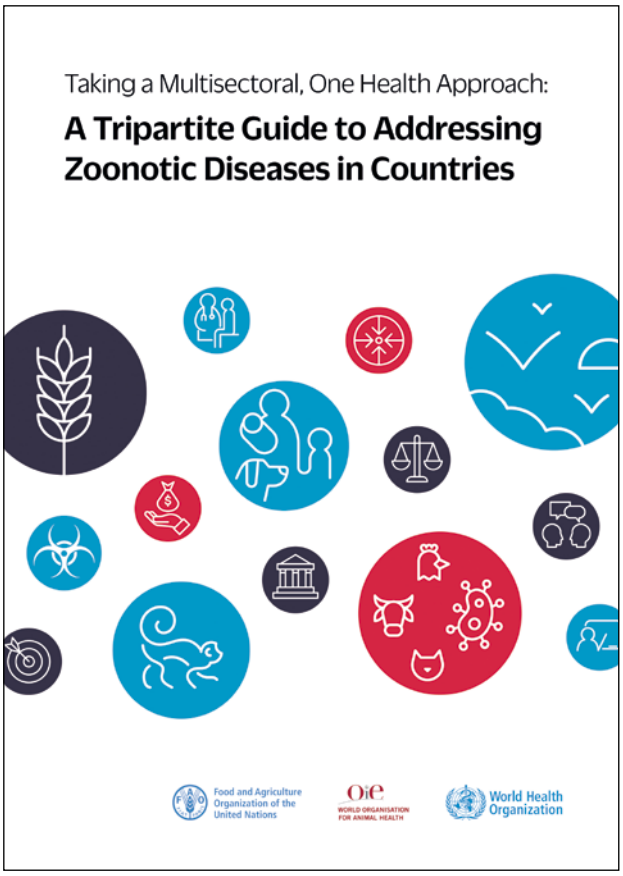
De Tripartite is een samenwerkingsverband tussen de FAO, WHO en OIE. Het samenwerkingsverband stamt uit 2010 en is bedoeld om samen te werken op het gebied van preventie, detectie, beoordeling en bestrijding van infectieziekten. Hierbij staat de *One Health*-benadering centraal. Voortdurende communicatie en samenwerking tussen verschillende sectoren is daarvoor essentieel.

De Tripartite ontwikkelt mondiale strategieën en instrumenten om een consistente, geharmoniseerde aanpak tegen infectieziekten over de hele wereld te garanderen en om het gezondheidsbeleid met betrekking tot mens, dier en milieu beter te coördineren op nationaal en internationaal niveau. Voorbeelden waar de Tripartite bij betrokken is, zijn het WHO-actieplan tegen antimicrobiële resistentie, het wereldwijde kader voor de uitbanning van rabiës voor 2030 en de '*Tripartite Zoönoses Guide*' (TZG). De TZG (figuur 4.3.1.1) biedt landen een leidraad voor het aanpakken van zoönosen. Het kan door landen gebruikt worden als hulpmiddel bij het opzetten van een *One Health*-risico-analysestructuur, zoals in Nederland zoönosenstructuur bestaat. Tevens bevat het voorbeelden van '*good practices*' en '*lessons-learned*' op basis van ervaringen uit verschillende landen.

4.3.2 GHSA – *De Global Health Security Agenda*

De GHSA is opgesteld door een groep landen en internationale organisaties die zich samen inzetten tegen mondiale gezondheidsbedreigingen. De GHSA is in 2014 opgericht, met als doel het versnellen van de implementatie van de *International Health Regulations* uit 2005. In 2024 wil de GHSA dat honderd landen een *Joint External Evaluation* (JEE) hebben uitgevoerd. Hiermee wordt in kaart gebracht hoe goed een land is voorbereid op een eventuele gezondheidscrisis. Na die JEE kan een land werken aan het verbeteren van knelpunten en opbouwen van de juiste kennis en expertise. Vervolgens kan dat land een nieuwe evaluatie ondergaan, om te bekijken of ze hun weerbaarheid tegen de dreigingen van infectieziekten hebben kunnen verhogen. Inmiddels zijn er wereldwijd al meer dan honderd landen die een JEE hebben uitgevoerd: Nederland zou in 2020 een evaluatie uitvoeren, maar deze is uitgesteld door de coronacrisis. In 2020 is Nederland voorzitter van de GHSA Stuurgroep, het coördinerend orgaan van de GHSA.

Figuur 4.3.1.1 De Tripartite zoönoses guide.[10]



De GHSA benadrukt de noodzaak van een *One Health*-benadering, de erkenning dat de gezondheid van mensen, dieren en de omgeving, onlosmakelijk met elkaar verbonden zijn. Infectieziekten kunnen van dier op mens overspringen, zowel van gedomesticeerde als wilde dieren, iets wat de huidige coronacrisis opnieuw benadrukt. De GHSA heeft daarom ook de Tripartite als permanente adviseurs: de FAO, de WHO en de OIE zijn gezamenlijk betrokken bij de advisering van de GHSA Stuurgroep, zodat de belangen van *Global Health Security* niet vanuit een enkel perspectief worden behartigd.

Daarnaast is de *Private Sector Roundtable* (PSRT) een vast lid van de GHSA Stuurgroep. De PSRT vertegenwoordigt een collectief van bedrijven die proberen vanuit een ander perspectief landen te ondersteunen. Samenwerking tussen de private sector, non-gouvernementele organisaties en landen biedt mogelijkheden om sneller en slagvaardiger specifieke uitdagingen te trotseren.

Ten slotte toont het interdepartementale karakter van de GHSA een cruciaal element van wereldwijd samenwerken. Niet alleen ministeries van (volks) gezondheid zijn vertegenwoordigd in de GHSA,

maar ook andere departementen, zoals ministeries van buitenlandse zaken en landbouw, zijn vertegenwoordigd.

Gezondheidsbedreigingen door infectieziekten zijn bijna per definitie grensoverschrijdend. Door kennis te delen en samenwerking tussen landen, organisaties en disciplines te stimuleren, mikt het GHSA op een verbetering van de weerbaarheid van landen tegen epidemieën en pandemieën.

4.3.3 OHEJP – *One Health European Joint Programme*

OHEJP is een project gefinancierd door de EU samen met de nationale overheden. In dit project zijn 37 volksgezondheids-, veterinaire en voedselveiligheidsinstituten uit negentien Europese landen en de *Med-Vet-Net-Association* betrokken. Vanuit Nederland zijn WBVR (*Wageningen Bio Veterinary Research*) en RIVM-partners, maar ook het NCOH (*Netherlands Centre for One Health*) aangesloten.

De belangrijkste focus van OHEJP is om de samenwerking tussen de instituten te versterken op het gebied van voedseloverdraagbare zoönosen, antimicrobiële resistentie en opkomende zoönosen en nieuwe bedreigingen, zowel nationaal als internationaal. Binnen het OHEJP zijn er *onderzoeksprojecten* die aan een specifieke (groep van) zoönosen werken en zogenoemde *integratieve projecten*, waar meer generieke zaken worden geadresseerd, zoals het harmoniseren van surveillancemethoden en -systemen, opzetten van gedeelde databases (en hoe data te delen), en het opzetten van risicoanalysestructuren.

Nederland is betrokken bij twintig van de 29 projecten en is van vier projecten coördinator: RADAR (RIVM), met als doel het ontwikkelen van methodologie en het genereren van consensusschattingen voor bronnenattributie, blootstellingsrisico's en ziektelast van AMR; IMPART (WBVR), dat tot doel heeft fenotypische methoden voor de detectie van antimicrobiële resistentie te ontwikkelen en te harmoniseren; ADONIS (RIVM), waarin determinanten worden geïdentificeerd die ten grondslag liggen aan de stagnatie/omkering van de dalende trend in de incidentie van *Salmonella* Enteritidis bij mensen en pluimvee in de EU en COHESIVE (RIVM), dat als doel heeft landen te ondersteunen bij het opzetten van nationale *One Health*-risicoanalysestructuren voor zoönosen. Een overzicht van alle projecten binnen OHEJP is te vinden via *https://onehealthejp.eu/wp-content/uploads/2018/12/Scientific-Activities_Version-1-Sept-2020.pdf*. Voor meer informatie over het project zie *www.onehealthejp.eu*

4.3.4 COVETLAB – *Collaborating Veterinary Laboratories*

CoVetLab is een samenwerkingsverband van nationale veterinaire volksgezondheidsinstituten uit Denemarken, Frankrijk, Nederland, Zweden en het Verenigd Koninkrijk. Partnerinstituten van CoVetLab zijn onder meer: *Staten Serum Institute* (Denemarken), *ANSES* (Frankrijk), *Wageningen Bio Veterinary Research* (Nederland), *National Veterinary Institute* (Zweden) en *Animal Health and Plant Health Agency* (Verenigd Koninkrijk).

Alle leden van CoVetLab doen onderzoek en surveillance en fungeren als nationaal en internationaal referentielaboratorium voor diverse dierziekten, waaronder zoönosen. Samen bevorderen zij veterinaire wetenschap van hoge kwaliteit door de verspreiding van kennis, het delen van ervaringen en de overdracht van vaardigheden en technologie om de dier- en volksgezondheid te beschermen. Elk jaar lanceert CoVetLab een interne oproep voor onderzoek gericht op innovatieve technieken en belangrijke onderwerpen op het gebied van diergezondheid en zoönosen. Bij elk van deze projecten zijn drie tot vijf partners van het netwerk betrokken.[11]

4.3.5 Samenwerking in grensregio's

Op regionaal niveau zijn er binnen Nederland samenwerkingsverbanden tussen GGD'en en de NVWA. Hierdoor ontstaat er een *One Health*-aanpak bij overlap tussen (volks)gezondheid, dieren en voedsel. Voor zover kon worden nagegaan, is er (nog) niet een dergelijk samenwerkingsverband op het gebied van *One Health* die regionaal over de landsgrens heen gaat. Wel werkt bijvoorbeeld de GGD Zuid-Limburg samen met de Belgische en Duitse partnerinstellingen voor de publieke gezondheid binnen de Euregio Maas-Rijn (EMR). Minstens twee keer per jaar wordt er een bijeenkomst georganiseerd om elkaar op de hoogte te brengen en onderling af te stemmen. Daarnaast informeren de instellingen elkaar wederzijds zodra er sprake is van casuïstiek of situaties waarbij grensoverschrijdende aspecten een rol spelen. Hiervoor wordt gebruikgemaakt van een speciaal ontwikkeld digitaal meldingsformulier, de '*cross-border risk alert*', en vinden er laagdrempelig telefonische overleggen plaats. Daarnaast zijn er regelmatig projecten waarbij de instellingen nauw samenwerken. Recente voorbeelden zijn *i-4-1-Health*, waarmee gezamenlijk met de GGD'en van de regio's Zeeland, Brabant en Limburg en Vlaamse organisaties de verspreiding van antibioticaresistentie in de Vlaams-Nederlandse grensregio inzichtelijk werd gemaakt, en het pas opgestarte onderzoek naar verspreiding van COVID-19 in de EMR.

4.4 Geraadpleegde literatuur

1. Oude Munnik et al. (2020) *Jumping back and forth: anthropozoonotic and zoonotic transmission of SARS-CoV-2 on mink*
2. *https://www.who.int/ihr/about/en/*
3. *https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/interactive-timeline#!*
4. *https://eur-lex.europa.eu/legal-content/EN/TXT/?uri=CELEX%3A32013D1082*
5. *https://www.who.int/ihr/procedures/mission-reports/en/*
6. *https://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Countryinformation/Zoonoses*
7. *https://efsa.onlinelibrary.wiley.com/loi/18314732/year/2019*
8. *https://efsa.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.2903/j.efsa.2020.6092*
9. *https://efsa.onlinelibrary.wiley.com/doi/toc/10.1002/(ISSN)1831-4732.BIOHAZ-DATA*
10. *https://rr-europe.oie.int/en/news/tripartite-zoonoses-guide/*
11. *https://www.covetlab.org*

5 Gebruikte afkortingen

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

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

vCJD	Variant Creutzfeldt-Jacob Disease
VGO	Veehouderij en Gezondheid Omwonenden
VMDC	Veterinair Microbiologisch Diagnostisch Centrum, onderdeel van FD *http://www.uu.nl/onderzoek/veterinair-microbiologisch-diagnostisch-centrum*
VO (EG)	Verordening(en) van de Europese Gemeenschap, bevatten regels die direct gelden in alle lidstaten van de Europese Unie
VPDC	Veterinair Pathologisch Diagnostisch Centrum, onderdeel van FD *https://www.uu.nl/onderzoek/veterinair-pathologisch-diagnostisch-centrum*
VWS	Ministerie van Volksgezondheid, Welzijn en Sport *https://www.rijksoverheid.nl/ministeries/ministerie-van-volksgezondheid-welzijn-en-sport*
WAHIS	World Animal Health Information System, besloten informatie systeem van OIE *http://www.oie.int/wahis_2/public/index.php/home*
WBVR	Wageningen Bioveterinary Research (voorheen CVI) *http://www.wur.nl/nl/Expertises-Dienstverlening/Onderzoeks-instituten/Bioveterinary-Research.htm*
WBVR-NRL	Nationaal Referentie Laboratorium voor dierziekten, onderdeel van WBVR *http://www.wur.nl/nl/Expertises-Dienstverlening/Onderzoeksinstituten/Bioveterinary-Research/diagnostiek.htm*
WFSR	Wageningen Food Safety Research
WGS	Whole Genome Sequencing. Voor meer informatie, zie *https://www.ntvg.nl/artikelen/%E2%80%98whole-genome-sequencing%E2%80%99/volledig*
WHO	World Health Organisation *http://www.who.int/en/*
Wpg	Wet publieke gezondheid *http://wetten.overheid.nl/BWBR0024705/2016-08-01*
YOPIs	Young, Old, Pregnant, Immune incompetent. Nederlands: Jong, Oud, Zwanger, Immuundeficiënt (JOZIs). Dit zijn kwetsbare personen, die eerder een infectie oplopen en wie bij de gevolgen vaak ernstiger zijn
ZonMW	Nederlandse organisatie voor gezondheidsonderzoek en zorginnovatie *http://www.zonmw.nl/nl/*
ZuyderlandMC	Zuyderland Medisch centrum

RIVM Rapport 2020-0130

Dit is een uitgave van:

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

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

Postbus 1 | 3720 BA Bilthoven
www.rivm.nl

Oktober 2020

De zorg voor morgen begint vandaag

011734