



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

# Surveillance van enterale infecties en zoönosen

## **Jaarrapportage 2022**



# **Surveillance van enterale infecties en zoonosen Jaarrapportage 2022**

RIVM-rapport 2023-0346

## Colofon

© RIVM 2023

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.

Het RIVM hecht veel waarde aan toegankelijkheid van haar producten. Op dit moment is het echter nog niet mogelijk om dit document volledig toegankelijk aan te bieden. Als een onderdeel niet toegankelijk is, wordt dit vermeld. Zie ook [www.rivm.nl/toegankelijkheid](http://www.rivm.nl/toegankelijkheid).

DOI 10.21945/RIVM-2023-0346

I. Friesema (auteur), RIVM  
R. Pijnacker (auteur), RIVM  
L. Tulen (auteur), RIVM  
M. van den Beld (auteur), RIVM  
L. Mughini Gras (auteur), RIVM  
T. Bosch (auteur), RIVM  
E. Franz (auteur), RIVM

Contact:

Eelco Franz

[Eelco.franz@rivm.nl](mailto:Eelco.franz@rivm.nl)

Dit onderzoek werd verricht in opdracht van het Ministerie van Volksgezondheid, Welzijn en Sport in het kader van surveillance van gastro-enteritis en zoönosen.

Dit is een uitgave van:

**Rijksinstituut voor Volksgezondheid  
en Milieu**

Postbus 1 | 3720 BA Bilthoven  
Nederland

[www.rivm.nl](http://www.rivm.nl)

## Publiekssamenvatting

### **Surveillance van enterale infecties en zoönosen Jaarrapportage 2022**

Enterale infecties worden veroorzaakt door verschillende bacteriële, parasitaire en virale ziekteverwekkers. Meestal krijgen mensen daarvan maag-darmklachten, zoals overgeven, buikpijn en/of (bloederige) diarree. In sommige gevallen kunnen ernstige klachten ontstaan, zoals hepatitis, bloedvergiftiging of hersenvliesontsteking. Mensen raken meestal besmet via voedsel of water dat in contact is gekomen met ontlasting van mensen of dieren. Bij een overdacht via dieren spreken we van zoönosen. Goede hygiëne in toiletten en keukens en bij de bereiding van vlees is heel belangrijk om een besmetting te voorkomen.

Het RIVM monitort hoe vaak dit soort infecties in Nederland voorkomen. Ook brengt het RIVM uitbraken in kaart, waarna het de bronnen opspoot. Het doet dat samen met partners als de Nederlandse Voedsel- en Warenautoriteit (NVWA) en Wageningen Food Safety Research (WFSR).

In het algemeen was het aantal enterale infecties in 2022 hoger dan tijdens de COVID19 jaren 2020 en 2021. Het aantal mensen dat ziek werd van *Campylobacter* en *Salmonella* was nog wel lager dan vóór de pandemie. Het aantal infecties met Shiga toxine-producerende *E. coli* (STEC) was in 2022 het hoogst sinds 2016. De oorzaak is niet duidelijk.

Het aantal mensen dat ziek werd door de *Listeria*-bacterie was net iets hoger dan in de jaren voor de COVID19 pandemie. Dit was een van de weinige ziekteverwekkers die tijdens de pandemie niet minder vaak voorkwam dan daarvoor. Dit komt waarschijnlijk doordat besmettingen bijna altijd via (rauw) voedsel verlopen.

Het rotavirus- en norovirusseizoen 2021/2022 begon, net als in 2020/2021, eerder in het jaar (oktober) dan in de gebruikelijke wintermaanden. Dit komt waarschijnlijk doordat meer mensen vatbaarder zijn geworden voor deze virussen. In de COVID19 jaren kwamen deze virussen namelijk bijna niet voor en bouwden mensen er geen afweer tegen op. Het totaal aantal mensen met het rotavirus in 2022 was veel hoger dan in 2016-2019. In 2022 werden in totaal evenveel mensen ziek van het norovirus als voor de pandemie.

De opvallendste uitbraak in 2022 was dat 72 mensen met buiktyfus (*Salmonella* Typhi) kregen op een schip in Nederland waar asielzoekers werden opgevangen. Vrij zeker zijn ze via de drinkwatervoorziening van het schip besmet. Deze was verouderd en lag vlak bij de rioolleidingen.

Kernwoorden: enterale infecties, maag-darminfecties, voedsel-gerelateerde infecties, gastro-enteritis, zoönosen



## Synopsis

### **Annual report on enteric infections and zoonoses**

#### **Annual report 2022**

Enteric infections' is an umbrella term for a diverse group of pathogens that infect humans primarily through the faecal-oral route. These infections can be caused by a diverse range of bacterial, parasitic and viral pathogens. They usually lead to gastrointestinal complaints such as vomiting, abdominal pain, diarrhoea and/or bloody diarrhoea. In some cases, these infections can lead to serious symptoms such as hepatitis, blood poisoning or meningitis. Some enteric infections, known as zoonoses, spread from agricultural and other pets to humans. For other infections, humans are the only host and the infection spreads from person to person. In both cases, transmission often occurs via contaminated food, or via the environment (soil/air/surface water) or direct contact with animals or faeces. In order to monitor the spread of enteric infections, RIVM charts for every year how often such infections and the pathogens occur in the Netherlands.

Overall, the incidence of enteric infections mainly transmitted through food was higher in 2022 than during the COVID-19 pandemic years of 2020 and 2021, although the incidence of campylobacteriosis and salmonellosis was not yet at pre-pandemic levels. In contrast, the number of infections with Shiga toxin-producing *E. coli* (STEC) in 2022 reached the highest level since 2016. The reason behind the increase in domestically acquired cases is unclear. The incidence of listeriosis, which remarkably did not decrease during the pandemic, was also higher in 2022 compared to 2016–2019.

The 2021/2022 rotavirus and norovirus season started earlier than usual, just like in 2020/2021. This was likely due to an increase in the number of susceptible individuals following the lifting of COVID19 restrictions. The total number of rotavirus cases was significantly higher in 2022 than in 2016-2019, while the total number of norovirus cases in 2022 was at the same level as before the pandemic.

The most notable outbreak in 2022 was an outbreak with 72 cases of typhoid fever (*Salmonella* Typhi) on a ship hosting asylum seekers. The drinking water supply was almost certainly the source of the contamination. In addition, there was a shigellosis outbreak related to travel to Cape Verde that continued into 2023.

Keywords: enteric infections, foodborne disease, zoonoses





## Inhoudsopgave

### **Samenvatting — 11**

#### **1 Inleiding — 13**

- 1.1 Inleiding — 13
- 1.2 Samenwerking — 14

#### **2 Databronnen — 15**

- 2.1 Meldplicht (Osiris) — 15
- 2.2 Laboratoriumsurveillance — 15
  - 2.2.1 Virologische weekstaten — 15
  - 2.2.2 ISIS-AR — 16
- 2.3 Kiemsurveillance — 16
- 2.4 Monitoring dieren en voedselketen — 17
- 2.5 Whole-genome-sequencing: uitbraken en data-sharing — 17
- 2.6 Ziekenhuisopnames (CBS/DHD) — 18

#### **3 Campylobacteriose — 21**

- 3.1 Hoofdpunten — 21
- 3.2 Achtergrond — 21
- 3.3 Epidemiologische situatie — 21
- 3.4 Resistentie — 22
- 3.5 Discussie — 23
- 3.6 Tabellen en figuren — 23

#### **4 Salmonellose — 25**

- 4.1 Hoofdpunten — 25
- 4.2 Achtergrond — 25
- 4.3 Epidemiologische situatie — 26
  - 4.3.1 Mens — 26
  - 4.3.2 Clustering — 27
- 4.4 Discussie — 28
- 4.5 Tabellen en grafieken — 28

#### **5 Shigellose — 31**

- 5.1 Hoofdpunten — 31
- 5.2 Achtergrond — 31
- 5.3 Epidemiologische situatie — 32
  - 5.3.1 Mens — 32
  - 5.3.2 Clustering — 32
- 5.4 Discussie — 33
- 5.5 Tabellen en figuren — 33

#### **6 STEC-infecties — 37**

- 6.1 Hoofdpunten — 37
- 6.2 Achtergrond — 37
- 6.3 Epidemiologische situatie — 38
  - 6.3.1 Mens — 38
  - 6.3.2 Clustering — 39
- 6.4 Discussie — 40
- 6.5 Tabellen en figuren — 41

<b>7</b>	<b>Listeriose — 45</b>
7.1	Hoofdpunten — 45
7.2	Achtergrond — 45
7.3	Epidemiologische situatie — 46
7.3.1	Mens — 46
7.3.2	Clustering — 47
7.4	Discussie — 47
7.5	Tabellen en figuren — 48
<b>8</b>	<b>Hepatitis A — 51</b>
8.1	Hoofdpunten — 51
8.2	Achtergrond — 51
8.3	Epidemiologische situatie — 51
8.3.1	Mens — 51
8.3.2	Voedsel — 52
8.3.3	Clustering — 52
8.4	Discussie — 53
8.5	Tabellen en figuren — 53
<b>9</b>	<b>Andere zoönotische infecties — 57</b>
9.1	Botulisme — 57
9.1.1	Hoofdpunten — 57
9.1.2	Achtergrond — 57
9.1.3	Epidemiologische situatie — 57
9.2	Brucellose — 58
9.2.1	Hoofdpunten — 58
9.2.2	Achtergrond — 58
9.2.3	Epidemiologische situatie — 58
9.2.4	Tabellen en figuren — 59
9.3	Leptospirose — 59
9.3.1	Hoofdpunten — 59
9.3.2	Achtergrond — 59
9.3.3	Epidemiologische situatie — 59
9.3.4	Discussie — 60
9.3.5	Tabellen en figuren — 61
9.4	Miltvuur/Anthrax — 61
9.4.1	Hoofdpunten — 61
9.4.2	Achtergrond — 61
9.4.3	Epidemiologische situatie — 62
9.5	Orthohantavirus — 62
9.5.1	Hoofdpunten — 62
9.5.2	Achtergrond — 62
9.5.3	Epidemiologische situatie — 63
9.5.4	Discussie — 63
9.5.5	Tabellen en figuren — 64
9.6	Trichinellose — 64
9.6.1	Hoofdpunten — 64
9.6.2	Achtergrond — 64
9.6.3	Epidemiologische situatie — 65
9.7	Tularemie — 65
9.7.1	Hoofdpunten — 65
9.7.2	Achtergrond — 65
9.7.3	Epidemiologische situatie — 66
9.8	Rabiës — 66

- 9.8.1 Hoofdpunten — 66
- 9.8.2 Achtergrond — 66
- 9.8.3 Epidemiologische situatie — 67
- 9.9 Yersiniose — 67
- 9.9.1 Hoofdpunten — 67
- 9.9.2 Achtergrond — 67
- 9.9.3 Epidemiologische situatie — 67

## **10 Andere meldingsplichtige ziekten — 69**

- 10.1 Buiktyfus en paratyfus A / B / C — 69
- 10.1.1 Hoofdpunten — 69
- 10.1.2 Achtergrond — 69
- 10.1.3 Epidemiologische situatie — 69
- 10.1.4 Tabellen en figuren — 71
- 10.2 Cholera — 73
- 10.2.1 Hoofdpunten — 73
- 10.2.2 Achtergrond — 73
- 10.2.3 Epidemiologische situatie — 74
- 10.2.4 Tabellen en figuren — 74

## **11 Andere virussen gemeld in de Virologische Weekstaten — 77**

- 11.1 Hoofdpunten — 77
- 11.2 Epidemiologische situatie rotavirus — 77
- 11.3 Epidemiologische situatie norovirus — 78
- 11.4 Hepatitis E virus — 78
- 11.5 Tabellen en figuren — 79

## **12 Algemene discussie en conclusies — 81**

- 12.1 Trends — 81
- 12.2 Clusters en uitbraken — 81

## **Referenties — 83**

## **Dankwoord — 87**

## **Bijlage Publicaties 2022-2023 — 89**



## Samenvatting

Dit rapport beschrijft de huidige trends en epidemiologie van diverse 'enterale' infectieziekten in Nederland. Enterale infecties zijn een diverse groep aan bacteriële, parasitaire en virale ziekteverwekkers die voornamelijk via de fecaal-orale route mensen besmetten. Meestal leiden deze tot maag-darm klachten zoals overgeven, buikpijn, en/of (bloederige) diarree. In sommige gevallen leiden deze infecties tot ernstige symptomen zoals hepatitis, bloedvergiftiging of hersenvliesontsteking. Een deel van de enterale infecties verspreiden zich vanuit (landbouw)huisdieren naar mensen, de zogenaamde zoönosen. Bij andere is de mens de enige gastheer en vindt verspreiding plaats van mens op mens. In beide gevallen gaat dit vaak via besmet voedsel, maar kan ook via het milieu (bodem/lucht/oppervlaktewater) of direct contact met dieren of hun uitwerpselen. Om zicht te houden op de verspreiding van enterale infecties brengt RIVM elk jaar in kaart hoe vaak dergelijke infecties en de ziekteverwekkers in Nederland voorkomen. Het rapport is gebaseerd op data verkregen uit de meldingsplicht (Wet Publieke Gezondheid), laboratorium- en kiemsurveillance, en ziekenhuisdata.

Over het algemeen was de incidentie van enterale infecties die voornamelijk via voedsel worden overgedragen in 2022 hoger dan gedurende de COVID19 pandemie jaren 2020 en 2021. De incidentie van campylobacteriose en salmonellose zijn echter nog niet op het niveau van voor de pandemie. Dit geldt niet voor STEC: na een dip in 2020 was de incidentie in 2021 reeds terug op het niveau van voor de pandemie en 2022 laat de hoogste incidentie zien sinds 2016. Het aantal reis-gerelateerde STEC gevallen was in 2022 gelijk aan 2018/2019. De oorzaak voor de toename in binnenlands opgelopen gevallen is onduidelijk. Ook de incidentie van listeriose, welke gedurende de pandemie opvallend genoeg als een van de weinige infectieziekten niet gedaald was, lag in 2022 iets boven het niveau van 2016-2019.

Het rotavirus- en norovirusseizoen 2021/2022 startten respectievelijk een aantal maanden en weken vroeger dan gebruikelijk. Dit is waarschijnlijk het gevolg van een toename in het aantal gevoelige personen na het opheffen van de COVID19 restricties. Het totaal aantal rotavirus gevallen was beduidend hoger in 2022 dan in 2016-2019, terwijl het totaal aantal norovirus gevallen zich in 2022 op hetzelfde niveau bevindt als voor de pandemie.

De meest opvallend uitbraak in 2022 betrof een uitbraak met 72 gevallen van buiktyfus (*Salmonella* Typhi) op een schip waar asielzoekers werden opgevangen. De drinkwatervoorziening is vrijwel zeker de bron van de besmetting geweest. Daarnaast was er een grote shigellose uitbraak gerelateerd aan reizen naar Kaapverdië die zich voortzette in 2023.

Bij de detectie van uitbraken en bij bronopsporing is whole-genome-sequencing (WGS) van groot belang gebleken. Met de steeds bredere toepassing van WGS zijn we beter in staat om onze surveillance te

optimaliseren en om bron- en contactonderzoek samen met onze One Health partners te verbeteren. WGS-gebaseerde surveillance leidt, door het hoge onderscheidend vermogen, tot een hoger aantal geïdentificeerde clusters dan met de oude typeringstechnieken (83 campylobacteriose clusters, 71 salmonellose clusters, 15 STEC-infectie clusters, 27 listeriose clusters, 22 shigellose clusters, en zeven yersiniose clusters). Niet naar alle clusters wordt uitbraakonderzoek gedaan. Dit hangt af van het aantal cases, het potentieel succes van vragenlijstonderzoek, en de timing van de cases waarbij er alleen actie wordt ondernomen bij een actief cluster. Actief uitbraakonderzoek in 2022 werd uitgevoerd naar een cluster van campylobacteriose, een buiktyfus uitbraak, drie salmonellose clusters, twee STEC clusters, zeven listeriose clusters en één shigellose uitbraak. De daadwerkelijke omvang van clusters en uitbraken is meestal vele malen hoger dan het aantal gerapporteerde gevallen door verschillende vormen van onderrapportage (bv. voor *Salmonella* ligt het daadwerkelijke aantal naar schatting een factor 20-25 hoger).

# 1 Inleiding

## 1.1 Inleiding

Enterale infecties is een overkoepelende term voor een diverse groep aan ziekteverwekkers die voornamelijk via de fecaal-orale route mensen besmetten. Deze kunnen veroorzaakt worden door een divers scala aan bacteriële, parasitaire en virale ziekteverwekkers. Meestal leiden deze tot maag-darm klachten zoals overgeven, buikpijn, en/of (bloederige) diarree. In sommige gevallen leiden deze infecties tot ernstige symptomen zoals hepatitis, bloedvergiftiging of hersenvliesontsteking. Een deel van de enterale infecties verspreiden zich vanuit (landbouw)huisdieren naar mensen, de zogenaamde zoönosen. Bij andere is de mens de enige gastheer en vind verspreiding plaats van mens op mens. In beide gevallen gaat dit vaak via besmet voedsel, maar ook via het milieu (bodem/lucht/oppervlaktewater) of direct contact met dieren of een uitwerpselen. Om zicht te houden op de verspreiding van enterale infecties brengt RIVM elk jaar in kaart hoe vaak dergelijke infecties en de ziekteverwekkers in Nederland voorkomen. Niet geïncorporeerd in dit rapport zijn respiratoire zoönosen (zie 'Surveillance of COVID19, influenza and other respiratory infections in the Netherlands: winter 2021/2022' te vinden op <https://www.rivm.nl/bibliotheek/rapporten/2022-0098.pdf>), en infectieziekten die worden overgebracht door teken en muggen (zie hiervoor o.a. de "Staat van Zoönosen, 2021" wat najaar 2023 verschijnt).

Het betreft een jaarlijkse rapportage met als doel om beleidsmakers, epidemiologen, microbiologen, GGD'en en overige geïnteresseerden in het One Health domein te informeren. Het Centrum Infectieziektebestrijding van het RIVM heeft de opdracht van het Ministerie van VWS om adequate surveillance en onderzoek uit te voeren betreffende -intestinale infecties in Nederland. Het doel van deze surveillance is het monitoren van trends en het detecteren van boven-regionale uitbraken.

Deze jaarrapportage geeft de surveillancegegevens van enterale infecties over het kalenderjaar 2022 en omvat zowel bacteriële, parasitaire als virale infecties die deels meldingsplichtig zijn (Tabel 2.1 ). De ontwikkeling van antibioticaresistentie onder (met name voedsel-gerelateerde) enterale infecties wordt uitvoerig beschreven in het 'MARAN' rapport (<https://www.wur.nl/nl/Onderzoek-Resultaten/Onderzoeksinstituten/Biovetinary-Research/Uitgelicht/Antibioticaresistentie/MARAN-rapporten.htm>). Trends in meldingen van voedseluitbraken wordt gerapporteerd in het rapport 'Registratie voedselgerelateerde uitbraken' [1]. Trends in de ziektelast van voedsel-overdraagbare ziekteverwekkers wordt beschreven in het rapport "Disease burden of food-related pathogens in The Netherlands" [2].

## 1.2 Samenwerking

Het Centrum Infectieziektebestrijding van het RIVM heeft de opdracht van het Ministerie van VWS om adequate surveillance en onderzoek uit te voeren betreffende enterale intestinale infecties in Nederland. Het doel van deze surveillance is het monitoren van trends en het detecteren van landelijke uitbraken. De infectieziekten beschreven in dit rapport vallen onder de verantwoordelijkheid van de afdeling Enterale, Vector-overdraagbare, en overige Zoönotische infecties (EVZ) en de afdeling Bacteriologische & Parasitologische Diagnostiek BPD), beide onderdeel van het Centrum Infectieziektebestrijding (CIb) van het Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM).

Een groot deel van de enterale infecties beschreven in dit rapport betreft zoönosen (van dier op mens overdraagbare infectieziekten). Trends in deze infectieziekten bij de mens worden het best beschreven in relatie tot hun bronnen. De Nederlandse Voedsel en Waren Autoriteit (NVWA) voert monitoring uit naar de aanwezigheid van (humane) ziekteverwekkers in landbouwhuisdieren en voedsel in het kader van haar toezichtstaak. Het laboratoriumonderzoek wordt uitgevoerd door Wageningen Food Safety Research (WFSR). Het voorkomen van zoönosen in dieren, voedsel en milieu wordt gerapporteerd in de "Staat van Zoönosen" (<https://www.onehealth.nl/staat-van-zoonosen-2021>). Gecombineerde surveillance en uitbraakonderzoek humaan-voedsel op basis van WGS wordt wel in dit rapport meegenomen. De gegevens in deze rapportage werden tevens internationaal gerapporteerd het European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) en de World Health Organisation (WHO).



## 2 Databronnen

Deze jaarrapportage geeft een overzicht van de surveillancegegevens van enterale infecties over het kalenderjaar 2022 en omvat bacteriële, parasitaire en virale waarvan gegevens vanuit verschillende bronnen worden verzameld. Een deel van de infecties is meldingsplichtig, de overige gegevens komen uit databases waarin op vrijwillige basis informatie wordt verzameld. Zie Tabel 2.1 voor een overzicht van de databronnen per ziekte / ziekteverwekker).

### 2.1 Meldplicht (Osiris)

De meldplicht is een instrument opgenomen in de Wet Publieke Gezondheid om de verspreiding van bepaalde (ernstige en/of uitbraakgevoelige) infectieziekten te voorkomen. De meldingsplicht schrijft voor dat artsen en medisch microbiologische laboratoria deze infectieziekten melden aan de Gemeentelijke/Gemeenschappelijke Gezondheidsdienst (GGD). De GGD meldt dit vervolgens via Osiris (online registratiesysteem) aan het RIVM. Osirismeldingen bevatten beperkte patiëntgegevens (geboortejaar, geslacht, 4-cijferige postcode), eerste ziektedag, informatie over diagnostiek (datum, wijze en uitslag) en informatie uit bron- en contactonderzoek. De criteria behorend bij de meldplicht van voedsel-overdraagbare en andere enterale ziekteverwekkers zijn te vinden op <https://lci.rivm.nl/meldingsplichtige-ziekten>. Wat betreft enterale infectieziekten / pathogenen wordt Osiris als surveillance databron gebruikt voor listeriose (*Listeria monocytogenes*), Shiga toxine-producerende *Escherichia coli* (STEC) infecties, shigellose (*Shigella* spp.), leptospirose / ziekte van Weil (*Leptospira* spp.), tularemie (*Francisella tularensis*), botulisme (*Clostridium botulinum*), miltvuur/antrax (*Bacillus anthracis*), brucellose (*Brucella* spp.), buiktyfus (*Salmonella* Typhi), cholera (*Vibrio cholerae*), paratyfus (*Salmonella* paratyphi) A/B/C, trichinellose (*Trichinella* spp.), orthohantavirus, en hepatitis A (hepatitis-A-virus).

### 2.2 Laboratoriumsurveillance

#### 2.2.1 Virologische weekstaten

Wekelijks melden circa twintig virologische laboratoria, aangesloten bij de Nederlandse Werkgroep voor Klinische Virologie van de Nederlandse Vereniging voor Medische Microbiologie (NVMM), het aantal diagnoses van een groot aantal virale ziekteverwekkers. Er wordt gerapporteerd aan het RIVM op basis van de week van de laboratoriumdiagnostiek. Hierbij wordt geen onderscheid gemaakt tussen diagnostiek afkomstig uit eerstelijns- en de tweedelijnszorg of in de laboratoriummethode (kweek, moleculaire diagnostiek, serologie en sneltesten) waarmee de diagnose gesteld werd. Hoewel informatie over de patiënten, het klinische beeld en de diagnostische methode ontbreekt, vormen de weekstaten, vanwege de relatief stabiele historie, een additionele bron om trends in de virusdiagnostiek over langere tijd te volgen. Wat betreft enterale pathogenen worden de virologische weekstaten als databron gebruikt voor norovirus, rotavirus, astrovirus, sapovirus, hepatitis A en hepatitis E.

### 2.2.2 *ISIS-AR*

Een groot aantal van de Nederlandse medisch microbiologische laboratoria verstrekken geanonimiseerde gegevens over antibioticaresistentie aan het RIVM. Deze gegevens worden sinds 2008 verzameld in het Infectieziekten Surveillance Informatie Systeem voor Antibiotica Resistentie (ISIS-AR). Aangezien voor *Campylobacter* infecties het gangbaar is om antibiotica gevoeligheidsbepalingen te doen als deel van de diagnostiek en ISIS-AR een geschatte landelijke dekkingsgraad heeft van 64%, geven de *Campylobacter* records in ISIS-AR een goed beeld van de incidentie in Nederland.

## 2.3 Kiemsurveillance

Voor een tijdige en adequate bestrijding van voedselinfecties zijn verbeterde inzichten in de epidemiologie van voedselinfecties noodzakelijk. Kiemsurveillance (= fenotypische en/of genotypische detailkarakterisering van het pathogeen volgend op de primaire diagnostiek) speelt hierbij een belangrijke rol. Dit maakt het mogelijk om clusters en uitbraken te detecteren en zicht te houden op circulerende typen.

- Voor hepatitis A, hepatitis E en norovirus wordt er genotypische informatie gegeneerd/verzameld via de zogenaamde moleculaire platforms (zie voetnoot Tabel 2.1). Dit geldt ook voor niet-humane samples om inzicht te krijgen in bronnen en transmissieroutes. Typering van (humane) isolaten vindt voornamelijk plaats op het RIVM.
- Voor de meldingsplichtig ziekteverwekker STEC vindt een kiemsurveillance plaats waarbij isolaten of feces door medische microbiologische laboratoria op vrijwillige basis naar het RIVM kunnen worden gestuurd waar deze bevestigd en getypeerd worden.
- Voor *Listeria*, ook meldingsplichtig, vind kiemsurveillance plaats in samenwerking met het Nationaal Referentielaboratorium voor Bacteriële Meningitis (NRLBM) bij het Amsterdam UMC. Isolaten worden door het NRLBM naar het RIVM gestuurd voor verdere typering ten behoeve van nationale surveillance.
- Voor *Salmonella* (geen meldplicht, alleen voor voedselgerelateerde clusters  $\geq 2$ ) bestaat er een kiemsurveillance waarbij, net zoals bij STEC, isolaten door medische microbiologische laboratoria op vrijwillige basis naar het RIVM kunnen worden gestuurd waar deze bevestigd en getypeerd worden. De geschatte dekkingsgraad van deze surveillance op basis van de deelnemende streeklaboratoria is 64% van de Nederlandse bevolking (voor laboratorium-bevestigde salmonellose).
- In mei 2021 is een gestart met een kiemsurveillance voor *Campylobacter* (niet meldingsplichtig, alleen voor voedselgerelateerde clusters  $\geq 2$ ) met zeven deelnemende medisch microbiologische laboratoria. De trends in totale aantallen campylobacteriose gevallen wordt gevolgd via ISIS-AR.
- In 2022 is gestart met een landelijke kiemsurveillance voor *Yersinia* en voor *Shigella*.

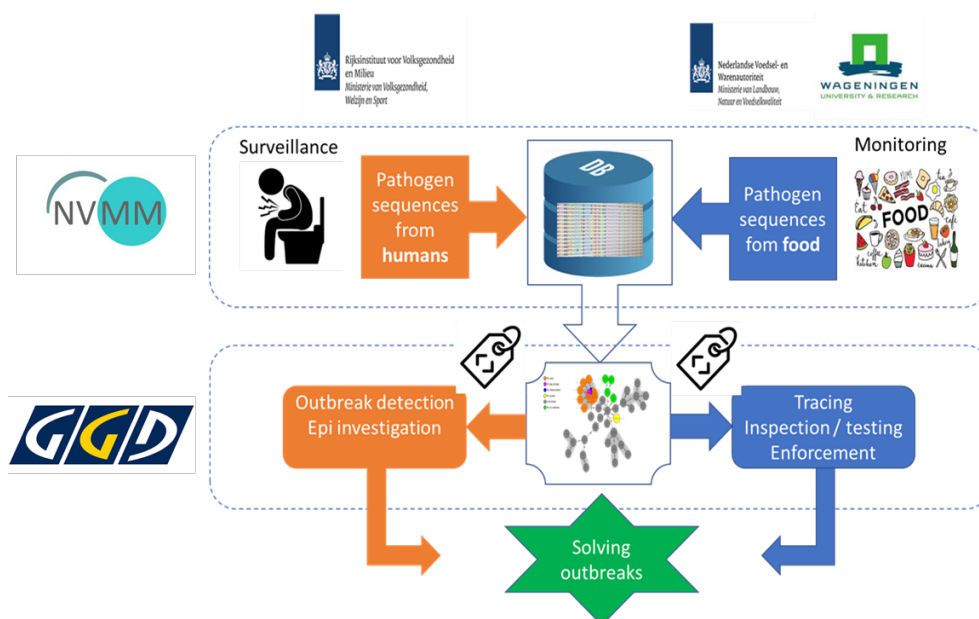
## 2.4 Monitoring dieren en voedselketen

Naast surveillance bij de mens vindt ook monitoring plaats van dieren en dierlijke producten binnen verschillende programma's en projecten van met name de Nederlandse Voedsel en Waren Autoriteit (NVWA) en Wageningen Food Safety Research (WFSR), soms in samenwerking met het RIVM. De NVWA monitort in de gehele levensmiddelenketen, van primaire productiebedrijven tot in de detailhandel, op wettelijke limieten en criteria, volgens van trends en het signaleren van nieuwe risico's. Op slachthuizen in de verschillende vleesketens wordt o.a. 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. Deze monsters worden onderzocht door WFSR. Het voorkomen van zoonosen in dieren, voedsel en milieu wordt gerapporteerd in de "Staat van Zoonosen" (<https://www.onehealth.nl/staat-van-zoonosen-2021>). Gecombineerde surveillance en uitbraakonderzoek humaan-voedsel op basis van WGS wordt wel in dit rapport meegenomen.

## 2.5 Whole-genome-sequencing: uitbraken en data-sharing

Met de opkomst van whole-genome-sequencing (WGS) technieken waarbij vrijwel het hele genoom van een micro-organisme in kaart kan worden gebracht is binnen de surveillance en monitoring van (met name bacteriële) voedsel-gerelateerde infecties sinds 2016 gradueel overgeschakeld naar deze nieuwe techniek. WGS vervangt hiermee in toenemende mate traditionele methoden als PFGE en MLVA. Ook de serotypering van humane STEC en *Salmonella* gebeurt grotendeels op basis van WGS data. De WGS data (*Salmonella*, STEC en *Listeria*) wordt tevens gebruikt om clusters van patiënten te identificeren: patiënten met een identiek isolaat delen hoogstwaarschijnlijk eenzelfde bron van infectie. Ook aan de dierlijke en voedselkant (WFSR) wordt in toenemende mate gebruikt gemaakt van WGS als typeringsmethode. Een van de grote voordelen van WGS is dat deze techniek ondubbelzinnige data genereert die eenvoudig tussen laboratoria en landen gedeeld kunnen worden.

Sinds 2017 werken RIVM, NVWA, en WFSR met een gedeelde database waar WGS data van isolaten afkomstig uit de humane surveillance en de monitoring in voedsel bij elkaar komen en gezamenlijk worden geanalyseerd op clusters (Figuur 2.1). Tevens wordt bij grensoverschrijdende uitbraken WGS data op ad-hoc basis gedeeld met de European Centre for Disease Control (ECDC), de European Food Safety Agency (EFSA), RIVM zusterinstituten, en Europese Referentie Laboratoria in het buitenland.



Figuur 2.1 Whole-genome-sequencing data-sharing NVWA/WFSR en RIVM.

## 2.6 Ziekenhuisopnames (CBS/DHD)

Hoeveel patiënten opgenomen worden in het ziekenhuis is een belangrijke graadmeter voor de ernst van de ziekte. Daarnaast is het van belang voor het berekenen van de ziektelast die een bepaalde ziekteverwekker veroorzaakt. Deze data zijn echter niet altijd beschikbaar, zoals voor virussen waarvan enkel weektellingen worden gerapporteerd in de Virologische Weekstaten. Om het aantal ziekenhuisopnames toch te berekenen, wordt gebruikgemaakt van de Landelijke Medische Registratie (LMR) van Dutch Hospital Data (DHD), waar via CBS toegang tot wordt verleend. Deze data bestaan uit administratieve LMR gegevens van dagopnames en klinische opnames die worden vastgelegd bij elke opname. Vrijwel alle ziekenhuizen in Nederland doen hieraan mee. Hierin staat onder andere de diagnosestelling, die is gebaseerd op de ICD-classificatie van diagnoses (International Statistical Classification and Related Health Problem). Dit is de internationale standaard voor het classificeren van ziekten en aandoeningen. In dit rapport worden deze data enkel gebruikt voor het schatten van het aantal ziekenhuisopnames door rotavirus.

Tabel 2.1 Overzicht van de enterale infecties die worden beschreven in dit rapport en type surveillance systeem voor elke ziekte

Ziekte / verwekker	Meldings-plicht	Laboratorium-surveillance	Kiem-surveillance	Monitoring voedsel-keten
<b>Bacteriën</b>				
Salmonellose			X	X
Campylobacteriose		X <sup>2</sup>		X
Yersiniose			X	
Listeriose	X		X	X
Shigellose	X		X	
STEC <sup>1</sup>	X		X	X
Leptospirose	X			
Tularemie	X			
Botulisme	X			
Miltvuur/Antrax	X			
Brucellose	X			
Buiktyfus, cholera, paratyfus A, B, C	X			
Ziekte / verwekker	Meldings-plicht	Laboratorium-surveillance	Kiem-surveillance	Monitoring voedsel-keten
<b>Parasieten</b>				
Trichinellose	X			
Ziekte / verwekker	Meldings-plicht	Laboratorium-surveillance	Kiem-surveillance	Monitoring voedsel-keten
<b>Virussen</b>				
Orthohantavirus	X			
Hepatitis A	X	X <sup>3</sup>	X <sup>4</sup>	X
Hepatitis E		X <sup>3</sup>	X <sup>4</sup>	X
Norovirus		X <sup>3</sup>	X <sup>4</sup>	X
Rotavirus		X <sup>3</sup>		
Sapovirus		X <sup>3</sup>		
Ziekte / verwekker	Meldings-plicht	Laboratorium-surveillance	Kiem-surveillance	Monitoring voedsel-keten
<b>Uitbraken<sup>5</sup></b>	X			X

1 Shiga toxine-producerende *Escherichia coli*.

2 Via ISIS-AR.

3 Virologische weekstaten (<https://www.rivm.nl/virologische-weekstaten>).

4 Moleculair platform ([www.rivm.nl/havnet](http://www.rivm.nl/havnet), [www.rivm.nl/hevnet](http://www.rivm.nl/hevnet), [www.rivm.nl/noronet](http://www.rivm.nl/noronet)).

5 Voedsel-gerelateerde uitbraken waarbij meer dan 2 personen betrokken zijn met een aannemelijk epidemiologisch verband naar eenzelfde bron. Gerapporteerd in rapport 'Registratie voedsel-gerelateerde uitbraken' [1].



## 3 Campylobacteriose

*Auteurs: Eelco Franz, Oda van den Berg, Maaïke van den Beld, Lapo Mughini Gras, Roan Pijnacker*

### 3.1 Hoofdpunten

- Naar schatting lag het aantal campylobacteriose gevallen in 2022 op 4857 (o.b.v. 3030 meldingen in ISIS-AR, met een dekkingsgraad van 62%). Hiermee is het aantal duidelijk hoger dan gedurende de COVID19 pandemie, maar nog niet terug op het niveau van ervoor (langjarig gemiddelde 2015-2019: 6244).
- In 2022 werden 451 *Campylobacter* isolaten die naar het RIVM werden opgestuurd getypeerd middels whole-genome-sequencing. Er werden 83 cluster gedetecteerd.
- Er is één verheffing van 12 bevestigde patiënten in Nederland waargenomen waarbij uitbraakonderzoek heeft plaatsgevonden. Er werd geen bron geïdentificeerd.
- Nadat resistentie tegen fluoroquinolonen was gedaald naar 57% in 2021, is hij weer gestegen naar 63% in 2022, maar nog niet op het niveau van 2019 vóór de COVID19 pandemie.

### 3.2 Achtergrond

*Campylobacter* spp. zijn een veel voorkomende oorzaak van maagdarminfecties. Infecties worden met name opgelopen door inname van besmet voedsel (al dan niet via kruisbesmetting) of drinkwater, contact met (feces van) besmette dieren of oppervlaktewater. Het merendeel van de infecties verloopt asymptomatisch. Als er wel ziekteverschijnselen optreden, is dit met name gastro-enteritis, wat leidt tot buikpijn, diarree en bloed bij de ontlasting. Een griepachtig ziektebeeld kan hieraan voorafgaan. In de meeste gevallen stoppen de klachten vanzelf binnen een week. Bacteriëmie is zeldzaam, evenals postinfectieuze reactieve artritis en Guillain-Barré syndroom (auto-immun reactie tegen perifere zenuwen). *Campylobacter*-infecties zijn het meest geassocieerd met pluimvee (48%), honden/katten (18%), rundvee (12%) en oppervlaktewater (9%) [3]. De bijdrage van reservoir-specifieke transmissieroutes via voedsel is beduidend lager dan de attributies naar de reservoirs aangezien andere routes van transmissie (bv. milieu) ook belangrijk lijken te zijn.

### 3.3 Epidemiologische situatie

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 t/m 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 antibioticaresistente (o.a. voor *Campylobacter* spp.) verzamelt van een groot aantal medische microbiologische laboratoria. Het heeft in 2021 een geschatte landelijke dekkingsgraad van 65% voor *Campylobacter* spp.

Sinds 2012 daalde het aantal humane infecties met *Campylobacter* gestaag in Nederland (Figuur 3.1). Er zijn aanwijzingen dat de stijging tot in 2011 en de kentering in 2012 samenhangt met de sterke stijging en daaropvolgende daling van het gebruik van maagzuurremmers in die periode [4]. In 2017 werd het laagste aantal laboratorium bevestigde gevallen van campylobacteriose gevonden sinds het begin van de registratie in 1993. Het aantal steeg echter in 2018 en 2019 maar daalde aanzienlijk in 2020 en 2021, waarschijnlijk als gevolg van de COVID19 pandemie. Naar schatting lag het aantal campylobacteriose gevallen in 2022 op 4.857 (4.302 in 2021, 3.942 in 2020, 6.077 in 2019, 5.944 in 2018 en 5.557 in 2017), gebaseerd op 3.043 meldingen in ISIS-AR, met een geschatte dekkingsgraad van 62% (Figuur 3.1). Dit is hoger dan 2020 en 2021, maar nog steeds lager dan vóór de COVID19 pandemie. De oorzaak hiervan is onbekend. Hiervan betrof het 89% *Campylobacter jejuni*, 9% *Campylobacter coli*, en 3% betrof andere *Campylobacter* species. Deze species-verdeling is vergelijkbaar met voorgaande jaren. In 2022 werden, evenals in 2021, vijf *Campylobacter*-uitbraken gemeld door GGD-en ten opzichte van vijf tot 13 uitbraken over de periode 2016-2020.

Per 1 mei 2021 is het 3-jarige *Campylobacter* sentinel kiemsurveillance project van start gegaan. Van alle ontvangen *Campylobacter* isolaten in 2022 vanuit de deelnemende laboratoria, is een selectie van 451 isolaten gemaakt op basis van seizoensspreiding, inzender en species voor het uitvoeren van WGS. Om groepen patiënten te identificeren met identieke stammen (wat duidt op een gemeenschappelijke bron) werd clusteranalyse uitgevoerd met behulp van core genome multi-locus sequence typing (cgMLST). Van de humane *Campylobacter* isolaten ontvangen in 2022 clusterden 51% met tenminste één ander humaan isolaat. Dit kan ook met isolaten van eerdere jaren zijn. In 2022 werden er in totaal 83 clusters geïdentificeerd met een mediane grootte van vier (spreiding 2-28) isolaten. De gemiddelde clustergrootte was 5.7.

Tussen december 2022 en maart 2023 is er in Nederland een cluster van 12 patiënten waargenomen, waarvoor uitbraakonderzoek is uitgevoerd met behulp van vragenlijsten. Het cluster bestaat uit negen vrouwen en drie mannen, in de leeftijd van 17 tot 79 jaar, met een mediane leeftijd van 46 jaar. Allen wonen zij in de buurt van de Duitse grens. Dit cluster doofde begin maart 2023 vanzelf uit, zonder dat de bron kon worden vastgesteld.

### 3.4 Resistentie

Humane *Campylobacter* isolaten ( $\pm$  90% *C. jejuni*) vertonen sinds 1992 een geleidelijke, zorgwekkende, stijging in resistentie tegen fluoroquinolonen (norfloxacin, ofloxacin en ciprofloxacin) tot op een resistentie-niveau van bijna 69% in 2019 (Figuur 3.2). Vervolgens nam

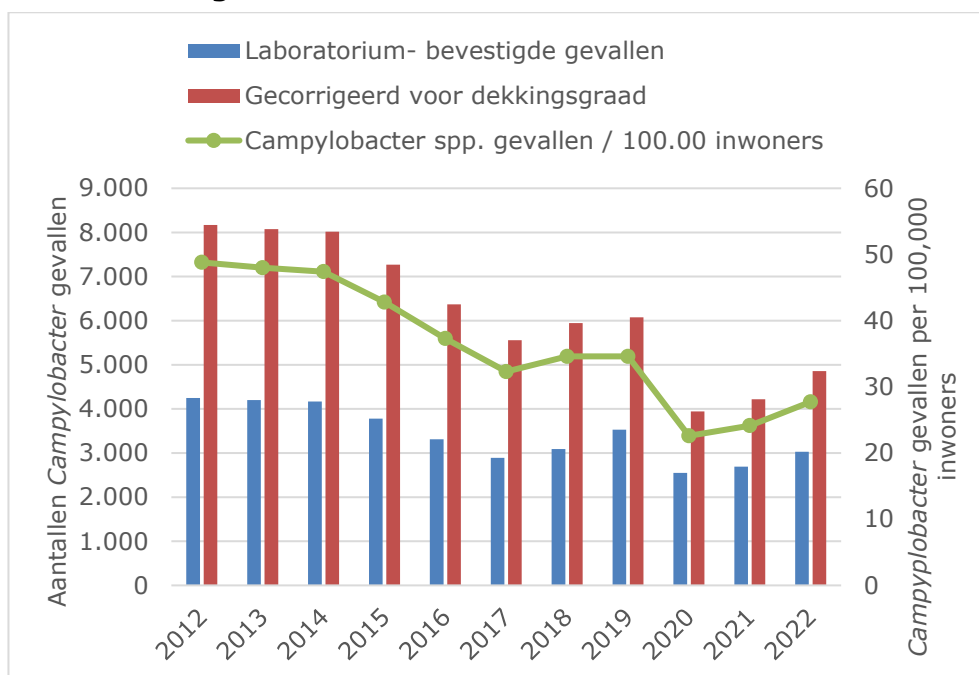


dit licht af naar 62% in 2020 en 57% in 2021; hoogstwaarschijnlijk als resultaat van verminderde buitenlandse reis-bewegingen als gevolg van de COVID19 lockdown. Ook resistentie tegen tetracycline nam voor het eerst in jaren af van 54% in 2019 naar 52% in 2020 en 42% in 2021. Hoewel resistentie tegen fluoroquinolonen en tetracycline weer toenam in 2022 ten opzichte van 2021, met respectievelijk 63% en 49%, was het nog niet op het niveau van 2019 vóór de COVID19 pandemie. Resistentie tegen macroliden (eerste keuzemiddel bij *Campylobacter*-infecties) is al jarenlang laag. In 2022 was 4.8% resistent tegen macroliden.

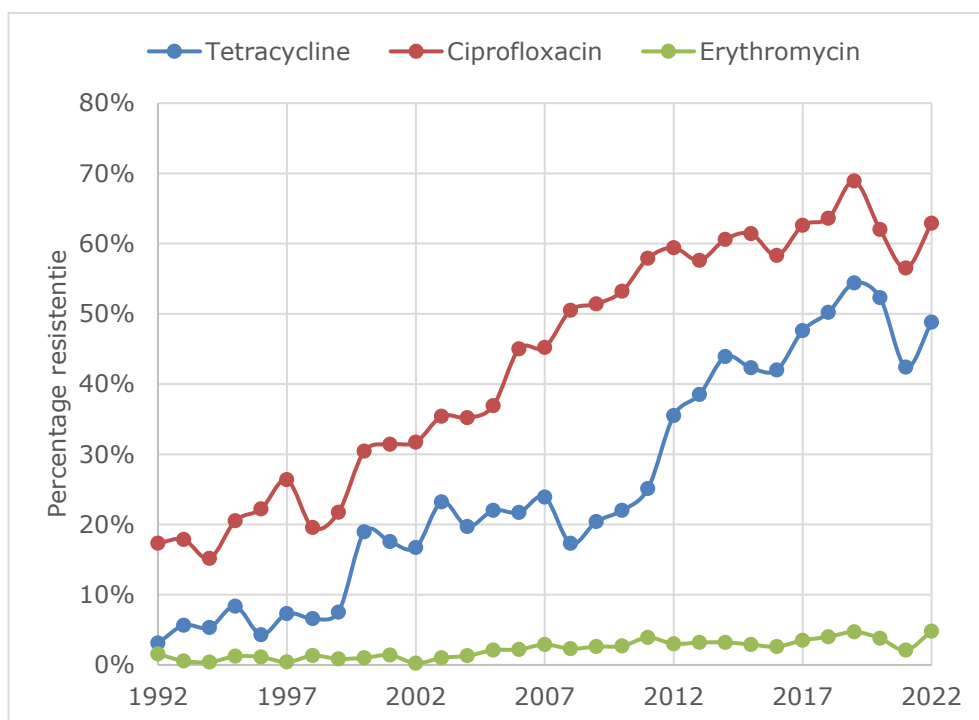
### 3.5 Discussie

Na een licht stijgende campylobacteriose incidentie van 2017 tot en met 2019 zakte de incidentie tijdens de COVID19 pandemie in 2020 en 2021 tot de laagste ooit waargenomen in Nederland. In 2022 is deze duidelijk gestegen maar het niveau van voor de pandemie is nog niet bereikt.

### 3.6 Tabellen en figuren



Figuur 3.1 Aantallen humane gevallen van infecties met *Campylobacter* spp., 2012-2022. Tot en met 2019 werd het aantal laboratorium bevestigde gevallen gebaseerd op melding door 15 streeklaboratoria en sinds 2020 op basis van 27 laboratoria binnen ISIS-AR.



Figuur 3.2 Ontwikkeling in resistentie (%) bij *Campylobacter* spp. Geïsoleerd uit humane klinische gevallen tussen 1992 en 2022.

## 4 Salmonellose

*Auteurs: Eelco Franz, Roan Pijnacker, Oda van den Berg, Maaïke van den Beld, Thijs Bosch, Lapo Mughini Gras.*

### 4.1 Hoofdpunten

- Het totaal aantal geschatte gediagnosticeerde salmonellose gevallen was in 2022 met 1290 gevallen (geschat o.b.v. 827 laboratorium-bevestigde gevallen in de kiemsurveillance) hoger dan in 2020 (n=888) en 2021 (n=1062) maar nog niet op hetzelfde niveau als voor de COVID19 pandemie (langjarig gemiddelde 2016-2019 is 1595).
- In 2022 werden alle *Salmonella* isolaten die naar het RIVM werden opgestuurd getypeerd middels whole-genome-sequencing. Er werden 71 cluster van *S. Enteritidis* gedetecteerd, 44 clusters van *S. Typhimurium*, en 116 clusters van andere serotypen.
- In totaal zijn er bij drie clusters vragenlijstonderzoek gedaan. Dit betrof een grote internationale uitbraak van *S. Typhimurium* bij kinderen die veroorzaakt bleekt door besmette chocoladeproducten van Kinder, evenals een *S. Montevideo* en *S. Agona* cluster, waarvan de bron niet werd gevonden. Zeer bijzonder was een uitbraak met *S. Typhi* op een opvanglocatie voor vluchtelingen.

### 4.2 Achtergrond

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 meesten behoren tot *Salmonella enterica* subspecies *enterica*. Hierbinnen wordt een onderverdeling gemaakt in serotypen op basis van verschillen in O en H antigenen, maar meestal wordt alleen het serotype als naam gebruikt, zoals *S. Typhimurium* (= *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serotype Typhimurium). Veel dieren, inclusief landbouwhuisdieren, vormen een reservoir voor humaan relevante *Salmonella*'s. Deze dieren zijn vaak asymptomatische dragers en scheiden de bacteriën uit via feces 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 (bijv. vlees of eieren), maar milieurotes 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, bacteriëmie).

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. De geschatte dekkinggraad van deze surveillance op basis van de deelnemende streeklaboratoria is 64% van de Nederlandse bevolking (voor laboratorium bevestigde salmonellose). Sinds 2021 worden alle *Salmonella* isolaten *in silico* geserotypeerd op basis van analyse van het hele genoom, bepaald door whole-genome-sequencing (WGS). WGS data wordt ook gebruikt om de *Salmonella* isolaten verder te typeren voor monitoring en uitbraakonderzoek en brononderzoek te verrichten. Deze typering vervangt sinds 2020 de Multi Locus Variable-number tandem repeat Analysis (MLVA) typering vanwege het hogere onderscheidend vermogen van de WGS.

Trends van *Salmonella*-infecties bij de mens worden het best beschreven in relatie tot hun bronnen. Als Nationaal Referentie Centrum voor *Salmonella* ontvangt het RIVM ook isolaten voor typering afkomstig van landbouwhuisdieren, huisdieren, milieu en voedsel. Isolaten uit voedingsmiddelen worden grotendeels door WFSR in opdracht van de NVWA verkregen en getypeerd. De isolaten komen uit een diversiteit aan monitoringsprogramma's op boerderijen, 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.

## 4.3 Epidemiologische situatie

### 4.3.1

#### *Mens*

Na twee jaar van aanzienlijke daling (2020: n=568; 2021: n=679) steeg in 2022 het aantal ingestuurde *Salmonella* isolaten van humane patiënten in Nederland door de deelnemende streeklaboratoria naar 827. Dit is echter nog steeds lager dan het langjarig gemiddelde van 1023 over de periode 2015 t/m 2019 ) (Tabel 4.1). Het totaal aantal laboratorium bevestigde gevallen in Nederland wordt op basis van de dekkinggraad van de kiem-surveillance met de streeklaboratoria gechat op 1290 gevallen (versus 888 in 2020 en 1062 in 2021) (Figuur 4.1). Het langjarig gemiddelde 2016-2019 is 1595 laboratorium-bevestigde gevallen in de kiemsurveillance.

Net als in voorgaande jaren zijn de serotypen Enteritidis (29%), Typhimurium (10%) en monofasische Typhimurium (8%) in 2021 de meest voorkomende veroorzakers van humane salmonellose (Tabel 4.1). In absolute termen ligt het aantal Enteritidis gevallen, na een sterke daling in 2020 en 2021 weer ongeveer op hetzelfde niveau als voor de pandemie (Figuur 4.2). Dat is terug te zien in het aandeel reis-gerelateerd gevallen (19% in 2019, 8% in 2020, 10% in 2021, 29% in 2022). Het relatieve aandeel Enteritidis varieert per jaar licht tussen 25%-35% was in 2022 (30%) niet afwijkend van dit patroon.

Na een lichte stijging in 2021 zijn de aantallen Typhimurium en de monofasische variant van Typhimurium in 2022 gedaald naar de laagste stand sinds de surveillance (Figuur 4.2). Dit past wel in een langjarige neergaande trend. De fractie die reis-gerelateerd was steeg voor beide typen (respectievelijk 10% en 8%) naar het niveau van voor de COVID19 pandemie.

Wat betreft de overige serotypen was er sprake van een zeer ongewoon aantal *S. Typhi* gevallen (n=73, tegenover gemiddeld <10 gevallen per jaar die allen reis-gerelateerd zijn) als gevolg van een regionale uitbraak binnen Nederland in een vluchtelingen opvanglocatie (zie volgende paragraaf).

#### 4.3.2 Clustering

WGS wordt gedaan op alle *S. Enteritidis* isolaten sinds 2019, *S. Typhimurium* sinds 2020 en alle serotypen sinds 2021. Hierop werd clusteranalyse met behulp van core genome multi-locus sequence typing (cgMLST) uitgevoerd om groepen patiënten te identificeren met identieke stammen (wat duidt op een gemeenschappelijke bron). Van de humane *S. Enteritidis* isolaten binnen 2022 clusterden 75% met tenminste één ander humaan isolaat. Dit kunnen ook isolaten van eerdere jaren zijn. In totaal waren er 71 clusters van humane isolaten met een mediane clustergrootte van vier (spreiding: 2 – 102 gevallen). Van de *S. Typhimurium* isolaten clusterde 54%, met in totaal 44 clusters met een mediane clustergrootte van drie (spreiding: 2 – 21). Van de overige serotypen clusterde 57% met een ander isolaat, met een totaal van 116 clusters met een mediane grootte van drie isolaten (spreiding: 2 – 42).

In totaal is er bij drie clusters/uitbraken een uitbraakonderzoek uitgevoerd.

- In meerdere landen in Europe werd een toename gezien van *S. Typhimurium* in de eerste maanden van 2022. Opvallend was dat het merendeel van de kinderen jonger dan 10 jaar was. Traceringsonderzoek in het Verenigd Koninkrijk en Ierland had aangetoond dat de uitbraak gerelateerd was aan chocoladeproducten van het merk Kinder. Isolaten verkregen uit bemonstering van de betreffende fabriek bleken gerelateerd aan het cluster van patiënten op basis van WGS. Na sluiting van de fabriek en het terugroepen van alle producten uit de betreffende fabriek werden geen nieuwe patiënten gezien. In totaal zijn tot er 401 patiënten gemeld door 13 EU/EEA landen en het Verenigd Koninkrijk. Ook in Zwitserland (n=49), Canada (n=4) en het Verenigde staten (n=1) zijn gerelateerde patiënten gemeld op basis van WGS. In Nederland behoorden twee patiënten tot de uitbraak.
- Een verheffing van *S. Montevideo* met in totaal tien patiënten. De patiënten woonden verspreid over het land en hadden een mediane leeftijd van 34,5 jaar, met een grote spreiding van 1-90 jaar. Vijf waren vrouw en vijf man. Vragenlijstonderzoek leverde geen mogelijke bronnen op en het cluster doofde uit zichzelf snel uit.
- Een *S. Agona* uitbraak in Noorwegen, Zweden en Nederland was mogelijke gerelateerd aan consumptie van komkommers. Een microbiologische bevestiging kon echter niet gevonden worden en de uitbraak doofde uit. Noorwegen rapporteerde 72 gerelateerde patiënten, Zweden 31 en Nederland in totaal 11.
- *S. Typhi* uitbraak. In April/Mei 2022 vond er een uitbraak plaats van buiktyfus onder asielzoekers en medewerkers van een noodopvanglocatie gesitueerd op een riviercruiseschip in Haarlem. het aantal bevestigde *S. Typhi*-infecties vastgesteld op

71. Dit betreft 51 asielzoekers en 20 medewerkers. Met behulp van WGS is aangetoond dat de isolaten van deze personen en het isolaat uit de vuilwatertank met elkaar clusteren. Alhoewel microbiologisch niet onomstotelijk is vastgesteld wordt er van uitgegaan dat besmetting via het drinkwatersysteem de transmissieroute is geweest.

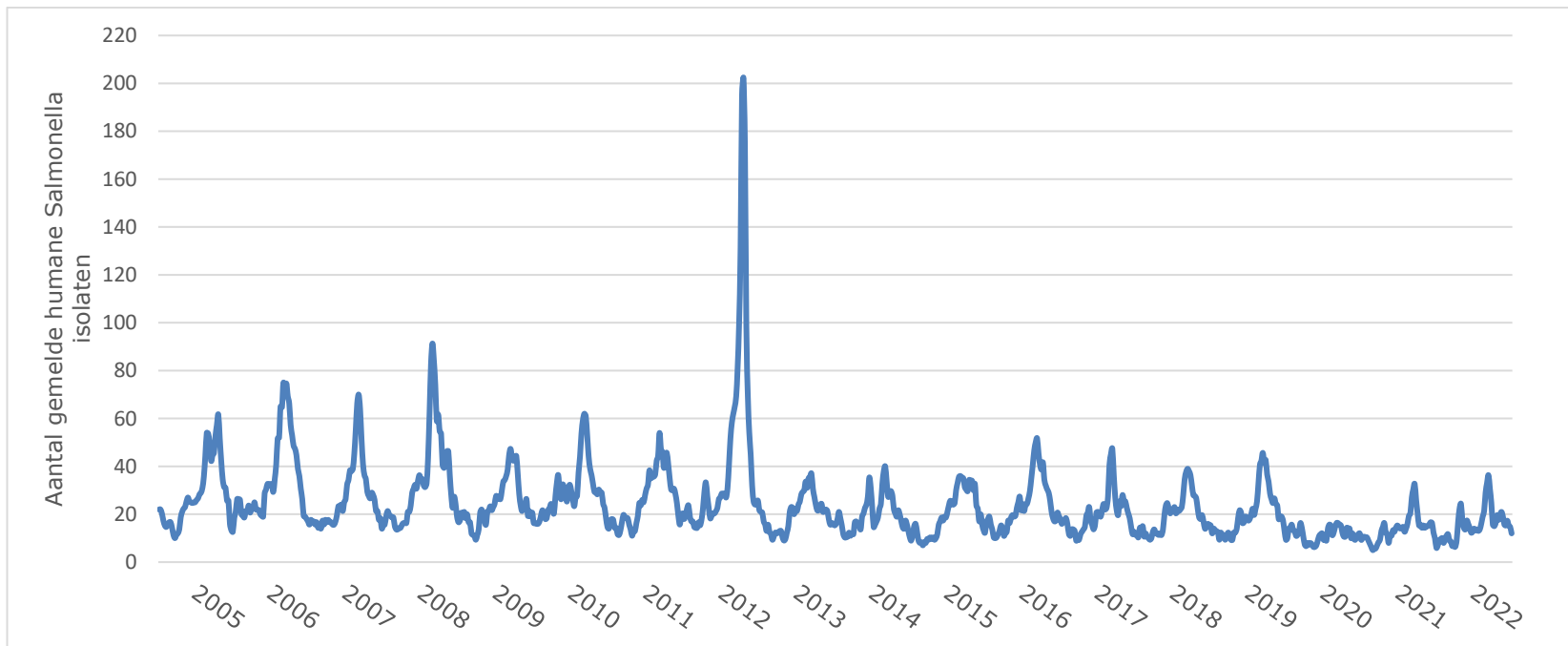
#### 4.4 Discussie

De afgelopen jaren is de continue dalende trend in *Salmonella* infecties bij de mens in Nederland gestabiliseerd rond de 1500 laboratorium bevestigde gevallen per jaar met een geschatte 26.000 gevallen in de gehele bevolking. Na een bijzonder laag aantal in 2020 als gevolg van COVID19 pandemie zijn de aantallen in 2021 iets – en in 2022 verder – opgelopen. Echter het niveau als voor de COVID19 pandemie is nog niet bereikt.

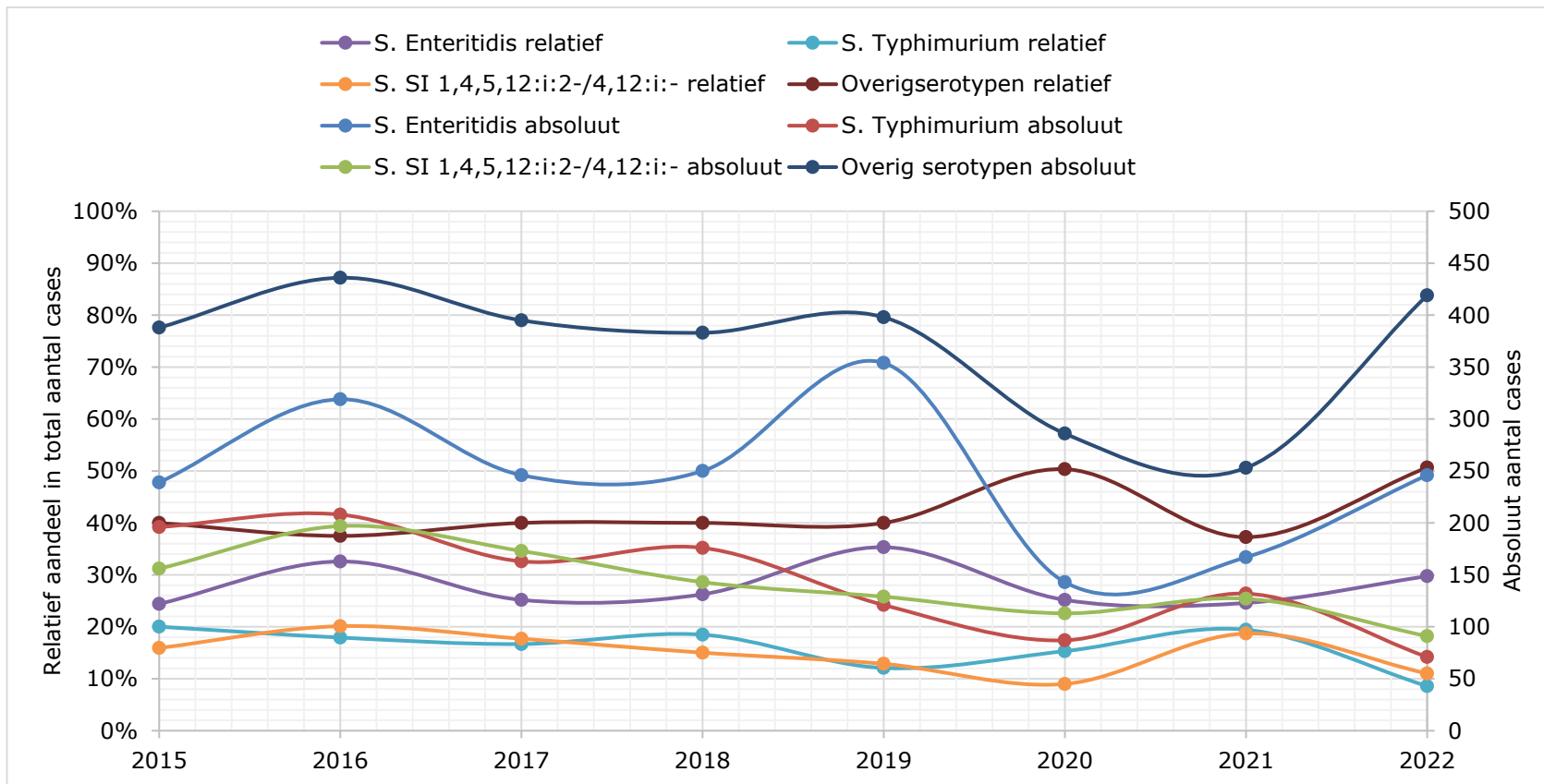
#### 4.5 Tabellen en grafieken

*Tabel 4.1 De ontwikkeling van de belangrijkste Salmonella-serotypen in de mens. Serotypes waar significante verheffingen voor zijn gevonden zijn grijs gearceerd. Serotypes die weinig voorkomen, niet meldingsplichtig zijn (Typhi, Paratyphi A en B), en/of niet geassocieerd zijn met clusters/uitbraken vallen onder categorie 'overig' (Bron: Laboratoriumsurveillance RIVM).*

Jaar	2018	2019	2020	2021	2022	Reis (2022)
<b>Totaal aantal</b>	<b>952</b>	<b>1002</b>	<b>568</b>	<b>679</b>	<b>827</b>	<b>20%</b>
Enteritidis	250	354	143	167	246	29%
Typhimurium	176	121	87	132	71	10%
SI 1,4,5,12:i:2-	143	129	52	127	91	8%
Typhi	10	13	4	6	73	15%
Chester	16	20	4	8	23	26%
Agona	6	11	1	1	16	13%
Infantis	25	26	30	18	14	29%
Virchow	10	18	16	9	13	0%
Dublin	16	13	19	10	13	0%
Newport	21	16	8	12	12	25%
Saintpaul	16	15	1	6	11	45%
Paratyphi B var. Java	15	19	5	3	10	30%
OVERIGE	248	247	164	180	234	19%



*Figuur 4.1 Seizoens- en jaartrend van humane salmonellose gevallen (Bron: kiemsurveillance RIVM).*



Figuur 4.2 Trend in absolute aantallen cases (rechter as) en relatief aandeel ten opzichte van het totale aantal gerapporteerde Salmonella gevallen (linker as) van 2015 tot en met 2022 voor S. Enteritidis, S. Typhimurium en monofasische S. Typhimurium (bron: RIVM laboratoriumsurveillance).



## 5 Shigellose

*Auteurs: Roan Pijnacker, Maaïke van den Beld, Thijs Bosch, Eelco Franz*

### 5.1 Hoofdpunten

- In 2022 werden 427 patiënten met shigellose gemeld, waarmee het aantal weer bijna gelijk is aan vóór de COVID19 pandemie, met gemiddeld 498 (spreiding: 428-549) patiënten in 2017-2019.
- Vergelijkbaar met vóór de COVID19 pandemie was één op de vijf shigellose patiënten MSM, waarbij het percentage MSM onder patiënten die de infectie opliepen in Nederland hoger was dan onder reisgerelateerde patiënten (respectievelijk 41% en 7%).
- In 2022 is een landelijke kiemsurveillance op basis van WGS geïmplementeerd. Er werden isolaten van 242 patiënten gesequenced, waarvan de helft tot een cluster behoorde.

### 5.2 Achtergrond

Shigellose, ook wel bacillaire dysenterie genoemd, wordt veroorzaakt door een gastro-intestinale infectie met Gramnegatieve, toxine producerende bacteriën van het genus *Shigella*. Er vallen vier species binnen het genus *Shigella* die allemaal ziekte bij de mens kunnen veroorzaken: *S. sonnei*, *S. flexneri*, *S. boydii* en *S. dysenteriae*. In Nederland worden *S. sonnei* en *S. flexneri* het vaakst aangetoond [5]. De infectie begint met waterige diarree, vaak vergezeld met bloed en slijm, mogelijk met koorts en buikkrampen [6]. Braken wordt in mindere mate gezien. De incubatieperiode kan 1-7 dagen duren, maar is meestal 1-3 dagen. De infectie kan ook asymptomatisch verlopen. Het prikkelbare darm syndroom, reactieve artritis en het hemolytisch uremisch syndroom (HUS) zijn zeldzame postinfectieuze complicaties. De gebruikelijke transmissieroute van *Shigella* is fecaal-oraal. Dit gebeurt direct van persoon op persoon of indirect via besmet voedsel of water, al komt dit laatste in Nederland weinig (meer) voor. Mensen zijn het enige natuurlijke reservoir van *Shigella*, dat één van de meest besmettelijke darmbacteriën is [7].

Gedurende 2005-2010 nam de incidentie van shigellose toe bij mensen die de infectie opliepen in Nederland, waarna het stabiliseerde [5]. De voornaamste reden leek een toename van shigellose onder mannen die seks hebben met mannen (MSM). Onder kinderen is de incidentie van shigellose het hoogst bij 1-4 jarige kinderen, waarschijnlijk door transmissie met leeftijdsgenoten, en bij volwassenen onder 20-39 jarigen, mogelijk door reisgedrag en overdracht van kind naar ouders. Secundaire transmissie binnen gezinnen of reisgezelschappen komt regelmatig voor. Hoewel het aandeel besmettingen opgelopen in Nederland is gestegen, wordt nog steeds het overgrote deel (ongeveer 2 op de 3) van *Shigella* infecties opgelopen in het buitenland.

## 5.3 Epidemiologische situatie

### 5.3.1 Mens

In totaal werden 427 shigellose patiënten gemeld in 2022, ten opzichte van 195 in 2020 en 213 in 2021, toen er een sterke daling was van reisgerelateerde gevallen als gevolg van de internationale reisrestricties vanwege de COVID19 pandemie. Het aantal is ook iets lager dan het gemiddelde van 498 (spreiding: 428-549) in 2017-2019 (zie Tabel 5.1 en Figuur 5.1). Van de 427 shigellose patiënten in 2022 hadden 260 (61% van het totaal) de infectie opgelopen in het buitenland, wat vergelijkbaar is met 2017-2019. Bij 12 patiënten (3%) in 2022 was het land van besmetting onbekend.

In 2022 waren 249 man (58%) en 57 vrouw (42%), wat vergelijkbaar is met 2017-2019, toen gemiddeld 57% man was. Het percentage patiënten dat MSM betrof was met 20% gelijk aan het percentage MSM in 2017-2019 (gemiddeld 20%, spreiding: 17-27%). Net als voorgaande jaren is het percentage MSM onder patiënten die shigellose oplopen in Nederland (41%) hoger dan in het buitenland (7%). De mediane leeftijd van shigellose patiënten in 2022 was 40 jaar, wat gelijk is aan voorgaande jaren. Bij mannen was de incidentie het hoogste onder 25 tot 44 jarigen en 50-64 jarigen. Bij vrouwen was de incidentie het hoogst onder 20 tot 34 jarigen (zie Figuur 5.2 en 5.3).

Zoals gebruikelijk waren de meest gevonden serotypen *S. sonnei* (63%) en *S. flexneri* (28%). *S. boydii* en *S. dysenteriae* werden respectievelijk 15 (4%) en 13 keer (3%) gevonden. Het serotype was onbekend bij 13 patiënten (3%).

### 5.3.2 Clustering

In april 2022 is een kiemsurveillance voor *Shigella* opgezet, waarvoor medisch microbiologisch laboratoria zijn gevraagd hun *Shigella* stammen op te sturen naar het RIVM voor verdere typering middels WGS. Dit heeft als doel beter inzicht te krijgen in clusters van shigellose patiënten, het voorkomen van resistentiegenen in relatie tot risicogroepen en de mate van "spillover" van (multi)resistente *Shigella* stammen vanuit MSM naar de overige bevolking.

In 2022 zijn isolaten van 242 patiënten gesequenced, waarvan 134 man en 107 vrouw. Hiervan behoorden er 118 (49%) tot één van de 22 clusters met minimaal twee patiënten, met een mediane cluster grootte van 2,5 (spreiding: 2- 37). Het grootste cluster (n=37) betrof een *S. sonnei* cluster gerelateerd aan reizen naar Kaapverdië dat voornamelijk speelde in het laatste kwartaal van het jaar. Patiënten waarvoor informatie beschikbaar was gaven aan te zijn verbleven in resorts op hetzelfde eiland van één hotelketen. Er werd gedacht aan overdracht via voedsel en mogelijk van persoon-op-persoon, maar de bron is onbekend gebleven. Het tweede grootste cluster (n=19) betrof een *S. sonnei* cluster onder MSM, waarvan de meesten de infectie hadden opgelopen in Nederland (n=11), maar ook in België (n=2), Spanje (n=2), Duitsland (n=1) en Frankrijk (n=1). Bij twee was van hen het land van besmetting onbekend. Dit cluster speelde gedurende het gehele jaar en was gerelateerd aan een internationaal MSM cluster (BEL-I, Belgische referentiestam).

## 5.4 Discussie

Na een sterke daling van het aantal shigellose patiënten in 2020 en 2021 ten gevolge van internationale reisrestricties vanwege de COVID19 pandemie, was het aantal shigellose patiënten in 2022 met 427 meldingen nagenoeg terug op het niveau van vóór de COVID19 pandemie. Het is echter wel lager dan de stijging in shigellose patiënten die werd gezien in 2018 en 2019, toen respectievelijk 517 en 549 patiënten werden gemeld, maar vergelijkbaar met de jaren ervoor.

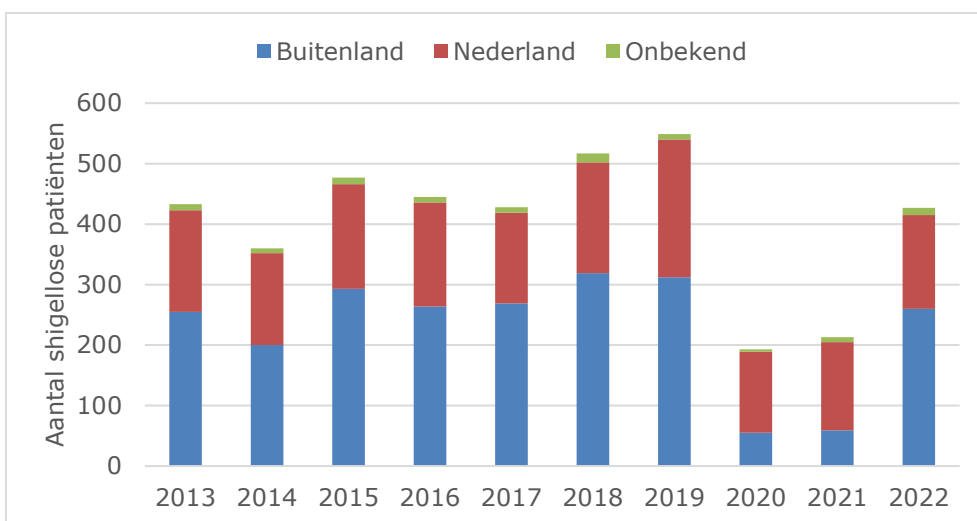
De implementatie van kiemsurveillance op basis van WGS maakte het mogelijk om met een hogere resolutie te bepalen of patiënten tot eenzelfde cluster behoren, en daarmee aan elkaar gerelateerd zijn. Dit heeft voornamelijk meerwaarde voor veelvoorkomende serotypen *S. sonnei* en *S. flexneri*, waarbij patiënten met eenzelfde serotype tot meerdere cluster horen op basis van WGS. Dit is onder andere van belang om de opkomst van, voornamelijk multiresistente, *Shigella* stammen in Nederland te monitoren. Een voorbeeld is het BEL-I *S. sonnei* cluster, met 19 patiënten in 2022, wat al enkele jaren internationaal en in Nederland wordt gezien, maar ook een internationaal cluster van multiresistente *S. sonnei* onder MSM waarover het ECDC begin 2022 berichtte [8]. Daarnaast maakte WGS het mogelijk om bij een uitbraak van *S. sonnei* onder reizigers naar Kaapverdië in 2022 te bepalen welke patiënten wél tot de uitbraak hoorde en welke niet. Reizen naar Kaapverdië wordt namelijk vaker genoemd als bron van een *Shigella* infectie. Door het delen van sequentiedata met ECDC kon tevens snel uitgevraagd worden bij andere landen of zij ook gerelateerde patiënten zagen. In totaal zijn 258 patiënten uit de EU (n=159), het VK (n=95) en de VS (n=4) gemeld die gelinkt zijn aan hetzelfde cluster [9]. Het betreft 221 WGS-bevestigde patiënten gemeld na 1 november 2021. Daarnaast zijn er 37 mogelijke patiënten met *Shigella* spp. gemeld na 1 september 2022 met een reishistorie naar Kaapverdië, zonder WGS gegevens.

## 5.5 Tabellen en figuren

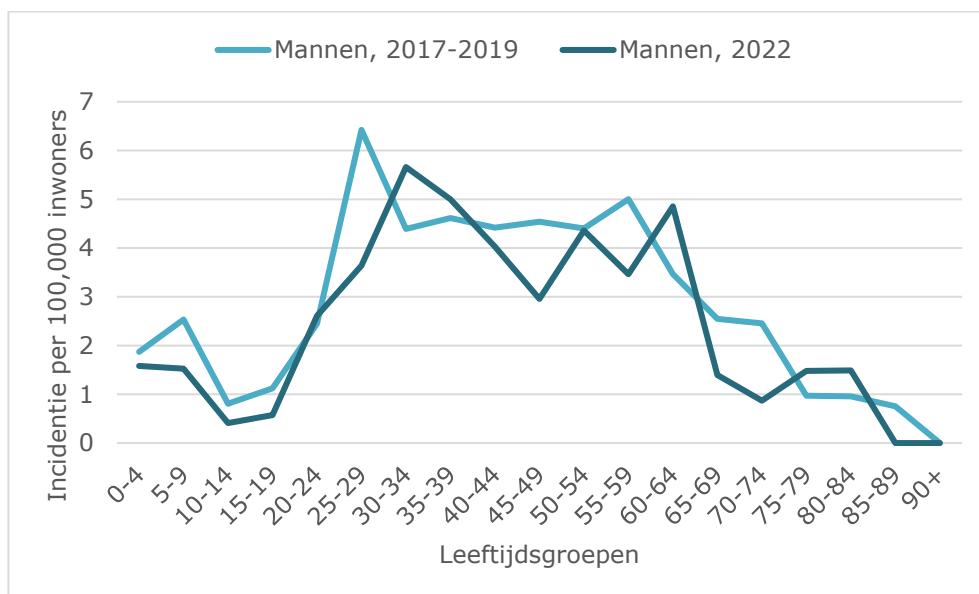
Tabel 5.1 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met shigellose, 2022-2017.

	2022	2021	2020	2019	2018	2017
	N (%)	N (%)	N (%)	N (%)	N (%)	N (%)
Aantal	427	213	193	549	517	428
Man	249 (58)	156 (73)	141 (73)	343 (62)	279 (54)	229 (54)
MSM	84 (20)	57 (27)	68 (35)	146 (27)	87 (17)	73 (17)
Serotype						
<i>sonnei</i>	267 (63)	90 (42)	99 (51)	336 (61)	306 (59)	248 (58)
<i>flexneri</i>	119 (28)	107 (50)	84 (44)	155 (28)	154 (30)	144 (34)
<i>boydii</i>	15 (4)	9 (4)	8 (4)	17 (3)	17 (3)	13 (3)
<i>dysenteriae</i>	13 (3)	2 (1)	1 (1)	23 (4)	15 (3)	17 (4)
Onbekend	13 (3)	5 (2)	1 (1)	18 (3)	25 (5)	6 (1)
Reisgerelateerd	260 (61)	59 (28)	55 (28)	312 (57)	319 (62)	269 (63)

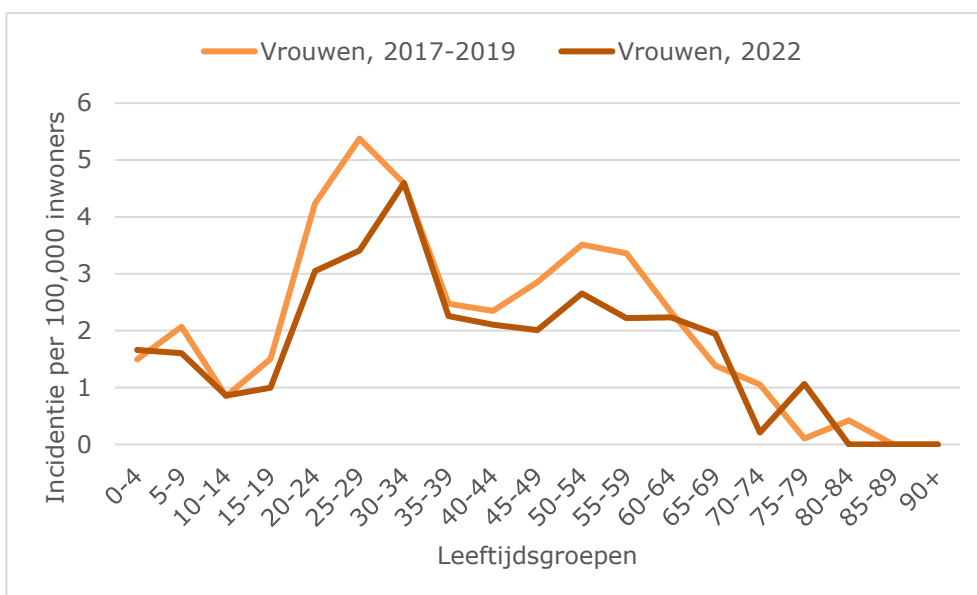
MSM = Mannen die seks hebben met mannen.



Figuur 5.1 Aantal meldingen van patiënten met shigellose naar jaar en land van besmetting, 2013-2022.



Figuur 5.2 Incidentie van shigellose meldingen onder mannen, per 5-jaars leeftijdsgroepen, 2017-2019 en 2022.



Figuur 5.3 Incidentie van shigellose meldingen onder vrouwen, per 5-jaars leeftijdsgroepen, 2017-2019 en 2022.



## 6 STEC-infecties

*Auteurs: Ingrid Friesema, Kim van der Zwaluw, Maaïke van den Beld, Eelco Franz*

### 6.1 Hoofdpunten

- In 2022 werden 585 personen met een STEC-infectie gemeld. Dit komt neer op 33,3 STEC-patiënten per miljoen inwoners. Dit is de hoogste incidentie sinds de laatste verandering in meldingscriteria in 2016.
- Van 199/585 STEC-patiënten is een isolaat ontvangen door het RIVM ter typering met whole-genome-sequencing (WGS). Hiervan konden 32 niet bevestigd worden als STEC. De meest gevonden serotypen waren O157 (n=71), O26 (n=19), O103 (n=18), en O145 (n=12).
- 16 patiënten ontwikkelden het hemolytisch uremisch syndroom (HUS; 2,7%), waaronder drie met STEC O157 (3/71; 4,2%), vijf met STEC non-O157 (5/96; 5,2%) en acht waarvan geen isolaat beschikbaar was (8/418; 1,9%). Dit is vergelijkbaar met de periode 2018-2021 (8-25; 2,5-5,2%). Vier patiënten (0,7%) overleden direct of indirect aan de gevolgen van de STEC-infectie, waarvan drie als gevolg van HUS (1 kind en 2 volwassenen boven de 55 jaar, tweemaal geen isolaat beschikbaar en 1x STEC O183) en één zonder HUS (zonder isolaat, volwassene ouder dan 60 jaar).
- Op basis van WGS werden in totaal 15 clusters met 42 van de 167 humane STEC isolaten uit 2022 geïdentificeerd.

### 6.2 Achtergrond

Shiga toxine-producerende *Escherichia coli* (STEC) is een bacteriële zoönose met herkauwers als belangrijkste reservoir. Een Nederlandse attributiestudie liet zien dat ongeveer de helft van de patiënten kan worden toegeschreven aan runderen als reservoir en dat ongeveer een kwart van de infecties kan worden toegeschreven aan schapen en geiten [10]. Varkens en pluimvee zijn kleinere reservoirs van STEC. STEC-infecties zijn vaak het gevolg van de consumptie van besmet voedsel, maar transmissie via het milieu lijkt ook belangrijk [10, 11].

Infecties met STEC kunnen asymptomatisch verlopen, maar kunnen ook leiden tot milde tot ernstige (bloederige) diarree [12]. Gemiddeld ontwikkelt 2 tot 7% van de met STEC geïnfecteerde personen het hemolytisch uremisch syndroom (HUS) bestaande uit hemolytische anemie, trombocytopenie en acute nierinsufficiëntie. Acute STEC-infecties zijn meldingsplichtig onder de Wet publieke gezondheid (Wpg) vanwege de ernst van de ziekte, vooral bij kleine kinderen en ouderen, en vanwege het risico op grootschalige uitbraken.

Sinds januari 1999 bestaat er een humane surveillance van STEC O157-infecties in Nederland. In datzelfde jaar is humane STEC O157 ook meldingsplichtig geworden. In 2007 is STEC non-O157 opgenomen in de meldingsplicht. 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 [13]. Deze wijzigingen leiden ertoe dat de infecties met langdurige, vaak milde symptomen en (mogelijke) toevallsbevindingen niet langer meldingsplichtig zijn. Nadeel hiervan is dat er een trendbreuk in het aantal STEC-meldingen is ontstaan. Binnen de surveillance kunnen STEC-isolaten naar het RIVM worden gestuurd, waarna typering plaatsvindt. Sinds 2017 geschiedt typering en karakterisatie geheel plaats door middel van WGS.

## 6.3 Epidemiologische situatie

### 6.3.1 Mens

In totaal werden in 2022 585 patiënten met een STEC-infectie gemeld, wat het hoogste aantal is sinds de aanscherping van de meldingsplicht in 2016. Van 199/585 STEC-patiënten is een isolaat ontvangen door het RIVM ter typering met WGS, waarvan er 32 niet werden bevestigd als STEC. Het aantal STEC O157-infecties (n=71) is verder gestegen, het aantal STEC non-O157-infecties (n=96) is gestabiliseerd (zie Tabel 6.1, Figuur 6.1). Van de overige patiënten in 2022 kon de infectie niet worden bevestigd met behulp van de ingestuurde isolaten (n=32) of was er geen isolaat ingestuurd (n=386). Binnen STEC non-O157 werden STEC O26 (n=19; 20%) en STEC O103 (n=18; 19%) het meest aangetoond, gevolgd door STEC O145 (12; 13%). In totaal werden er 28 verschillende O-types gevonden. Over de periode 2018-2022 waren na O157 (n=256), O26 (n=94), O103 (n=52), O145 (n=31), O63 (n=24) en O146 (n=22) de vijf meest gevonden O-types. De meeste STEC O157 isolaten hadden zowel een *stx1* als een *stx2* gen (69%), bij de overige 22 isolaten (31%) was alleen een *stx2* gen aanwezig. Alle 71 STEC O157 isolaten hadden het *eae* aanhechtingsgen. Bij de STEC non-O157 isolaten was de verdeling: 35% *stx2* en *eae* (waarvan 11/34 *stx2f*), 32% *stx1* en *eae*, 11% *stx1*+2 zonder *eae*, 9% *stx2* zonder *eae*, 7% *stx1*+2 en *eae* en 4% *stx1* zonder *eae*.

Iets minder mannen (45%) dan vrouwen werden gediagnosticeerd met een STEC-infectie, vergelijkbaar met voorgaande jaren (zie Tabel 6.1). Van de STEC O157-patiënten werd 25% opgenomen in een ziekenhuis (36-40% in 2018-2021) ten opzichte van 30% van de STEC non-O157-patiënten (24-31% in 2018-2021) en 24% van de patiënten waarvan geen isolaat of typering beschikbaar was (25-35% in 2018-2021). HUS werd gemeld voor 16 patiënten (2,7%), waarvan vijf kinderen in de leeftijd 0-13 jaar, voornamelijk jongens (4/5); twee patiënten waren in de leeftijd 20-29 jaar en de overige negen patiënten waren in de leeftijd 50-90 jaar. Het aantal en percentage HUS is daarmee vergelijkbaar met de voorgaande jaren (8-25 gevallen; 2,5-5,2%; Tabel 6.1). Drie HUS-patiënten hadden een STEC O157-infectie (een tiener en twee volwassenen). Vijf HUS-patiënten hadden een STEC non-O157-infectie, waarbij drie jonge kinderen een STEC O26-infectie hadden en twee oudere volwassenen respectievelijk een STEC O80 en een STEC O183. Bij de overige HUS-patiënten was geen isolaat beschikbaar (een jong kind en zeven volwassenen). Vier patiënten zijn overleden als gevolg van de STEC-infectie: een jong kind met HUS (geen isolaat) en drie volwassenen in de leeftijd boven 55 jaar waarvan twee met HUS (één STEC O183 en één keer geen isolaat) en een zonder HUS (geen isolaat). Bloed in de ontlasting komt beduidend vaker voor bij STEC



O157-infecties (2018-2022: 60-80%) ten opzichte van STEC non-O157-infecties (32-45%) of van infecties waarvan geen isolaat beschikbaar was (26-38%). In 2022 werden de meeste infecties van STEC O157 in de leeftijdsgroep 10-19 jaar (23%) en van STEC non-O157 in de leeftijdsgroep 0-4 jaar (16%) gezien, terwijl er geen duidelijke leeftijdsgroep geassocieerd was met infecties waarvan geen isolaat beschikbaar was (zie Figuur 6.2).

Het percentage patiënten dat de infectie meest waarschijnlijk in het buitenland had opgelopen (22%; 124/555) was in 2022 weer gestegen na twee jaar laag te zijn geweest (7% in zowel 2020 als 2021). Procentueel gezien is 2022 nog iets lager dan in 2018 (28%) en 2019 (27%), maar in absolute aantallen zijn ze vergelijkbaar (zie Tabel 6.2). De reis-gerelateerde infecties in 2022 werden opgelopen in Afrika (43%), Azië (28%), Europa (18%), en Noord- (4%) of Zuid-Amerika (4%). De meest genoemde landen waren Egypte (n=32), Turkije (n=24) en Marokko (n=9); over de periode 2018-2022 bestond de top 3 van genoemde landen Turkije en Egypte (elk 72/432; 17%) en Marokko (33/432; 8%).

In 2022 consumeerde 95% (357/375) van de personen die de infectie in Nederland had opgelopen vlees en had 44% (149/341) rauw of niet geheel gaar vlees gegeten. Verder had 9% (33/351) rauwe melk gedronken. Ruim de helft van de mensen (58%; 220/377) had in de week voor het ziek worden contact gehad met dieren, wat voornamelijk huisdieren betrof (52%; 197/377), en 7% (26/377) had contact gehad met landbouwhuisdieren. Van 49 personen (n=362; 14%) was bekend dat ze immunosuppressiva gebruikten, 86 personen (24%) slikten maagzuurremmers en 49 (14%) cholesterolverlagers. Ongeveer de helft van de patiënten had een of meer onderliggende ziekten.

In het laatste kwartaal van 2022 werd een landelijke STEC O157 uitbraak gedetecteerd op basis van de WGS data. In totaal werden 14 patiënten geïdentificeerd in de leeftijd variërend van 7 tot 77 jaar. Op basis van de gegevens uit Osiris en de extra vragenlijst was rundvlees, met name filet américain, gehakt en hamburger, de meest waarschijnlijke bron. Tracering door de NVWA leverde geen eenduidige producent of productielocatie op.

### 6.3.2 *Clustering*

De beschikbare humane isolaten en isolaten uit voedsel werden geanalyseerd met behulp van WGS. De gecombineerde WGS-data werden gebruikt voor clusterdetectie met STEC core genome multi-locus sequence typing (cgMLST) op basis van 3154 allelen. Een cluster werd gedefinieerd als minimaal twee isolaten met maximaal zeven allelen verschil.

In totaal werden 15 clusters met 42 van de 167 beschikbare humane isolaten uit 2022 geïdentificeerd:

- Acht clusters bestaande uit één patiënt uit 2022 en:
  - 1 ander isolaat van een patiënt uit 2018/2019/2021 (O63 (2x), O71, O103, O145, O157);

- 1 non-humaan isolaat uit 2021 (O111), zonder epidemiologische link en meer dan een half jaar tussen beide isolaten;
- isolaten van één patiënt uit 2019 en twee patiënten uit 2020 (O157).
- Drie clusters bestaande uit twee patiënten in 2022:
  - O103: ruim twee weken tussen eerste ziektedagen, regionaal niet geclusterd;
  - O111: gezinscluster;
  - O157: geen clustering in periode of locatie.
- Twee clusters bestaande uit drie patiënten in 2022:
  - O145: in een periode van 1 maand ziek geworden, waarvan twee ook in dezelfde plaats wonen;
  - O157: in een periode van 2 maanden ziek geworden, regionaal niet geclusterd.
- Twee grotere STEC O157-clusters:
  - Het grootste cluster in 2022 bestond uit 16 cases, waarvan één patiënt uit 2021. Opvallend hierbij was dat de isolaten van twee patiënten (waaronder die van 2021) op zeven allelen afstand van de overige lagen (zie Figuur 6.3). Het uitbraakonderzoek zoals in 6.3.1 beschreven richtte zich daarom alleen op de 14 patiënten met maximaal 1 allel verschil;
  - Het andere STEC O157-cluster bevatte zeven patiënten. Echter, ook hier werd een tweedeling gezien met een subcluster van respectievelijk drie en vier cases op 6 allelen afstand van elkaar (zie Figuur 6.3). De eerste drie patiënten werden tussen 2 en 18 juli ziek, de overige vier tussen 23 juli en 24 augustus. Het merendeel woonde in het noorden of oosten van Nederland, verder geen aanwijzingen voor een mogelijke gezamenlijke bron.

## 6.4 Discussie

Na het laagste aantal meldingen in 2020 is het aantal meldingen in 2022 het hoogst sinds de aanscherping van de meldplicht in 2016. Een toename in het aantal besmettingen dat in Nederland was opgelopen werd al in 2021 gezien, maar toen was het aantal reis-gerelateerde infecties nog steeds laag. In 2022 is het aantal reis-gerelateerde infecties vergelijkbaar met 2018 en 2019, maar het aantal in Nederland opgelopen infecties vergelijkbaar met 2021. De toename in het aantal reis-gerelateerde infecties in 2022 ten opzichte van 2020 en 2021 is te verklaren door de opheffing van de reisrestricties vanwege de COVID19-pandemie in de eerdere jaren. De oorzaak van de toename van de binnenlandse infecties in 2021 die aanhoudt in 2022 is echter onduidelijk.

Het aantal STEC O157-infecties is in de afgelopen jaren gestegen van 35 in 2019 naar 71 infecties. Deels is dit te verklaren door de twee clusters in 2022. Het aantal non-O157-infecties (n=96) is vergelijkbaar met 2021 (n=102), maar was ook een stijging ten opzichte van 2019 en 2020. Echter, het percentage meldingen dat aan een isolaat kan worden gekoppeld lag in 2022 (34%) niet hoger dan in voorgaande jaren (2018-2021: 26-37%) en blijft daarmee een bedreiging voor de landelijke

surveillance vormen, aangezien clusterdetectie zeer afhankelijk is van de beschikbaarheid van een isolaat waarop WGS-typering kan worden toegepast. Zonder (voldoende) isolaten bestaat er geen goed landelijk beeld van circulerende typen (wat zeker belangrijk is bij meer ernstige ziekte) en kan er geen adequate uitbraakdetectie/-onderzoek worden uitgevoerd. Daarnaast worden de humane en niet-humane isolaten gebruikt in attributiestudies (bijvoorbeeld [10]), waarbij inzicht wordt verkregen in de reservoirs en transmissieroutes van STEC en in eventuele verschuivingen daarin. Deze data geven aanknopingspunten voor preventie en bestrijding. Om deze bedreiging te verkleinen wordt gewerkt aan een kiemsurveillance waarbij laboratoria *stx*-positieve feces naar het RIVM kunnen sturen voor verdere kweek en typering.

De clusteranalyse uitgevoerd op de gezamenlijke dataset met humane isolaten en voedselisolaten leverde een match tussen een patiënt en een voedselproduct. Aangezien er meer dan een half jaar tussen beide isolaten zat en er geen verdere aanwijzingen waren, blijft onduidelijk of er een directe link was. De meeste clusters in 2022 bestonden uit twee of drie isolaten. Er waren in 2022 twee grotere clusters van zeven en 16 patiënten. Opvallend hierbij waren de subclusters binnen beide clusters, waarbij een tweedeling waargenomen werd. Voor een subcluster van 14 patiënten is een uitbraakonderzoek uitgevoerd. Dit leverde helaas geen bewezen bron, al is het op basis van de epidemiologische informatie aannemelijk dat het om besmet rundvlees ging.

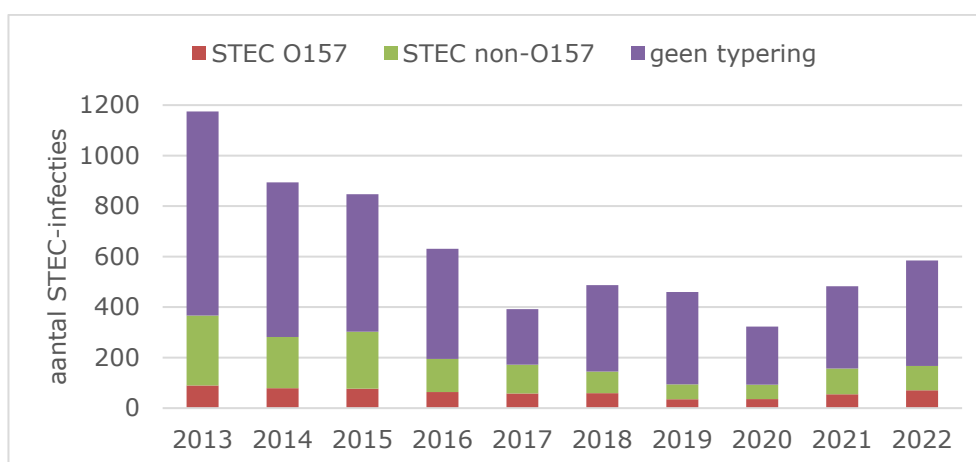
## 6.5 Tabellen en figuren

Tabel 6.1 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met een STEC-infectie, 2018-2022.

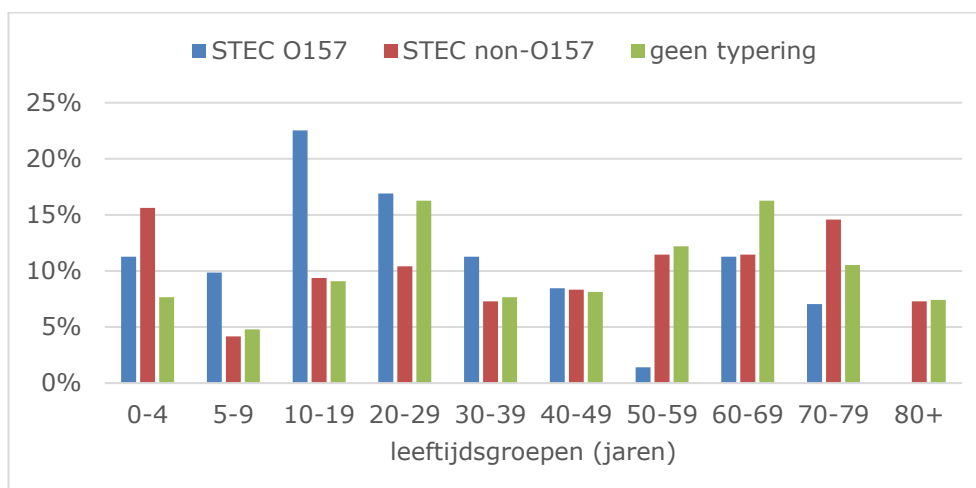
	2018	2019	2020	2021	2022
<b>Totaal</b>	<b>487</b>	<b>460</b>	<b>323</b>	<b>483</b>	<b>585</b>
O157	59	35	36	55	71
Non-O157	86	59	57	102	96
waarvan O26	23	17	13	22	19
Geen isolaat	342	366	230	326	418
Man	203 (42%)	179 (39%)	142 (44%)	211 (44%)	266 (45%)
Leeftijd mediaan (spreiding)	39 (0-96)	42 (0-93)	41 (0-94)	40 (0-99)	41 (0-97)
Ziekenhuisopname	126 (27%)	133 (29%) 13 (37%)	109 (34%)	142 (30%)	140 (25%)
O157	23 (40%)	14 (25%)	13 (36%)	22 (40%)	17 (25%)
Non-O157	20 (24%)	106 (29%)	16 (29%)	31 (31%)	28 (30%)
Geen typering	83 (25%)		80 (35%)	89 (28%)	95 (24%)
HUS	21 (4,3%)	22 (4,8%)	8 (2,5%)	25 (5,2%)	16 (2,8%)
O157		2	0		
O26	5	4	2	4	3
Overig non-O157	6	1	1	1	3
Geen typering	0	15	5	5	2
	10			15	8
Overleden	0 (0%)	1 (0,2%)	2 (0,6%)	2 (0,4%)	4 (0,7%)

Tabel 6.2 Reis-gerelateerde STEC-infecties naar continenten, 2018-2022.

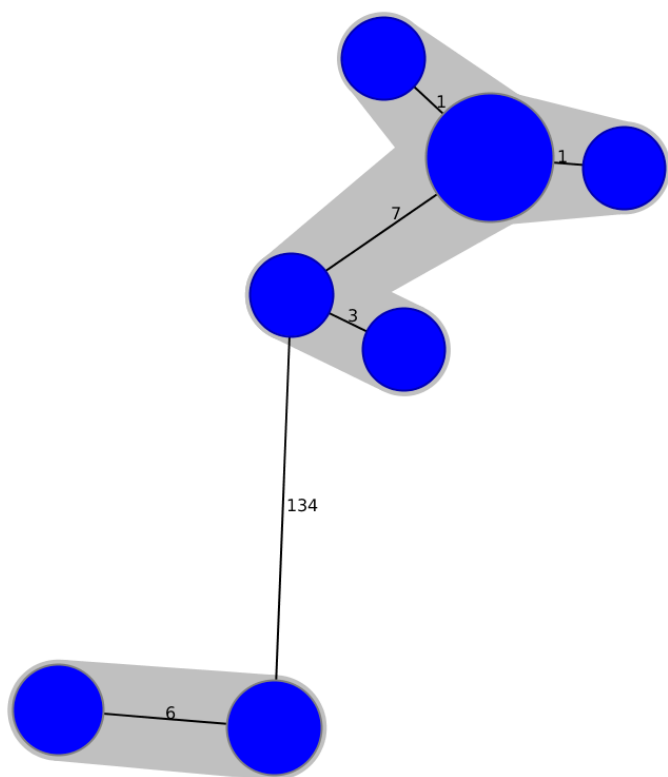
	2018	2019	2020	2021	2022
Buitenland	133/470 (28%)	122/445 (27%)	21/315 (7%)	33/470 (7%)	124/555 (22%)
Europa	32 (24%)	33 (27%)	6 (29%)	14 (42%)	22 (18%)
Afrika	43 (32%)	40 (33%)	4 (19%)	4 (12%)	53 (43%)
Azië	44 (33%)	31 (25%)	9 (43%)	11 (33%)	35 (28%)
Noord-Amerika	2 (2%)	1 (1%)	1 (5%)	3 (9%)	5 (4%)
Midden-Amerika	10 (8%)	12 (10%)	0	1 (3%)	4 (3%)
Zuid-Amerika	2 (2%)	4 (3%)	1 (5%)	0	5 (4%)
Oceanië	0	1 (1%)	0	0	0



Figuur 6.1 Aantal gerapporteerde patiënten met een STEC- infectie naar typering, 2013-2022. In juli 2016 heeft er een wijziging in de meldingscriteria plaatsgevonden.



Figuur 6.2 Leeftijdsverdeling binnen de STEC-infecties in 2022 onderverdeeld naar STEC O157, non-O157, en geen O-typing bekend.



*Figuur 6.3 Twee grootste clusters van STEC O157, met in beide een tweedeling in clustering.*



## 7 Listeriose

*Auteurs: Ingrid Friesema, Kim van der Zwaluw, Maaïke van den Beld, Nina M. van Sorge (NRLBM-AUMC), Wieke Freudenburg-de Graaf (NRLBM-AUMC), Eelco Franz*

### 7.1 Hoofdpunten

- In 2022 werden 102 personen met listeriose gemeld, waaronder acht zwangeren. Dit aantal is iets hoger dan het mediane aantal meldingen in de periode 2012-2021 (n=95). Dit komt neer op 5,8 patiënten per miljoen inwoners. Twaalf patiënten (12%) overleden direct of indirect aan de gevolgen van de infectie. Daarnaast werd een baby doodgeboren en waren vijf baby's ziek bij of kort na geboorte waarna één baby is overleden.
- Op basis van whole-genome-sequencing (WGS) werden 27 clusters geïdentificeerd met één of meer isolaten uit 2022 met een totaal 46 van de 87 humane isolaten uit 2022: 18 clusters met één humaan isolaat uit 2022, en vijf, twee en twee clusters met respectievelijk 2, drie en zes humane isolaten uit 2022.
- In 2022 waren er zeven clusters waarbij er na onderzoek door de NVWA sprake was van een persistente besmetting op een productielocatie.

### 7.2 Achtergrond

*Listeria monocytogenes* is een ubiquitair voorkomende Gram-positieve staafvormige 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 overleven en zelfs groeien onder ongunstige omstandigheden, zoals droogte en lage temperaturen (vanaf 0°C). Mensen raken vooral geïnfecteerd door de consumptie van voedsel dat besmet is vanuit de productieomgeving, zoals (rauwmelkse) kazen, vleeswaren, rauwe, gerookte of gemarineerde vis en kant-en-klare producten als sandwiches en voorverpakte salades [14, 15].

De meeste infecties met *L. monocytogenes* verlopen asymptomatisch of met een mild ziektebeeld met griepachtige verschijnselen. Bij personen met een verstoorde afweer verloopt de infectie vaak ernstiger. Er kan dan een systemische infectie ontstaan met bacteriëmie, meningitis of meningo-encefalitis, evenals peritonitis, bot- en gewrichtsinfecties, peri- of endocarditis en sepsis [14, 16]. Bij zwangeren kan de infectie leiden tot intra-uteriene vruchtdood en vroeggeboorte, waarbij de vrouwen zelf geen ziekteverschijnselen hoeven te vertonen. Het aantal mensen dat listeriose oploopt is gering, maar de ziektelast is door de ernst van de ziekte hoog [17, 18].

In Nederland bestaat er sinds 2005 een laboratoriumsurveillance voor *L. monocytogenes* en een aangifteplicht sinds december 2008. Sinds 2017 wordt WGS toegepast als standaard typeringsmethode. Daarnaast worden door de Nederlandse Voedsel en Waren Autoriteit (NVWA) jaarlijks diverse risicovolle voedingsmiddelen bemonsterd en door

Wageningen Food Safety Research (WFSR) op besmetting met *L. monocytogenes* onderzocht. Ook deze isolaten worden getypeerd middels WGS. De WGS-data van humane patiënten en van voedingsmiddelen worden gezamenlijk geanalyseerd ten behoeve van clusterdetectie en bronopsporing.

## 7.3 Epidemiologische situatie

### 7.3.1

#### *Mens*

In 2022 werden 102 patiënten met listeriose gerapporteerd. Hiervan werden 100 patiënten via Osiris gemeld (van 85 patiënten is ook een isolaat naar het Nederlands Referentie Laboratorium voor Bacteriële Meningitis (NRLBM) gestuurd) en van twee patiënten is alleen een isolaat ingestuurd. De incidentie van listeriose kwam daarmee op 5,8 patiënten per miljoen inwoners (zie Figuur 7.1). De incidentie, berekend over 2018-2022, stijgt met de leeftijd, met uitzondering van een lichte piek voor vrouwen in de leeftijd 20-39 jaar, die voornamelijk zwangere vrouwen betreft (zie Figuur 7.2). Boven de 65 jaar is de incidentie hoger onder mannen dan onder vrouwen. De mediane leeftijd van alle patiënten in 2022 was 75 jaar (range 28-94 jaar) en 63% van de patiënten was man (zie Tabel 7.1). Acht patiënten (8%) waren zwanger ten tijde van de *Listeria*-infectie; zeven baby's zijn levend geboren, waarvan in ieder geval drie prematuur. Vijf daarvan waren ziek, met name sepsis en/of meningitis, waarna één baby later alsnog overleed; de achtste baby was doodgeboren. Van de 102 volwassen patiënten werden er 97 (95%) opgenomen in het ziekenhuis, twee patiënten - beiden zwanger-, werden niet opgenomen; van de overige drie patiënten is onbekend of ze zijn opgenomen waaronder geen zwangeren. Van 97 (volwassen) patiënten van wie het beloop van de infectie bekend was, waarbij ervan uit is gegaan dat geen van de zwangeren is overleden, zijn er 12 overleden (12%) met een mediane leeftijd van 77 jaar (range 60-94 jaar). Het sterftepercentage varieert sterk door de jaren heen en was het hoogst in 2015 (22%) en het laagst in 2011 (5%). Binnen het tijdvak 2009-2022 stierf gemiddeld 12% van de gemelde volwassen patiënten.

De meest voorkomende ziektebeelden zoals gemeld ten tijde van de diagnose waren meningitis, sepsis, maag-darminfectie en longontsteking (zie Figuur 7.3). Sepsis werd het meest gemeld (32/98 patiënten; 33%), gevolgd door meningitis (16/98 patiënten; 16%), maag-darminfectie (12/98 patiënten; 12%) en longontsteking (6/98 patiënten; 6%), waarbij patiënten ook mengbeelden konden hebben. De zeldzamere ziektebeelden encefalitis en endocarditis werden respectievelijk bij twee (2%) en één (1%) patiënten gediagnosticeerd.

Mensen met onderliggend lijden en/of medicijngebruik hebben een verhoogd risico op listeriose. In 2022 hadden drie patiënten (3%) ouder dan 75 jaar geen onderliggend lijden en gebruikten zij geen immunosuppressiva of maagzuurremmers (bij 1/3 was medicijngebruik onbekend). Maagzuurremmers werden door 67% van de listeriose-patiënten gebruikt en bijna de helft slikte immunosuppressiva. De meest genoemde onderliggende ziekten in 2022 waren hart- en vaatziekten, kanker en diabetes bij respectievelijk 35%, 25% en 25% van de patiënten. Reuma en longziekten (elk 11%) werden ook relatief vaak



gemeld. De prevalentie van deze ziekten in Nederland (in 2021) was 10% en 4% voor hart- en vaatziekten en kanker, en respectievelijk 7% en 15% voor diabetes en reuma (op basis van: <https://www.volksgezondheidszorg.info/>).

Van 87 patiënten was een isolaat beschikbaar voor WGS. De meeste isolaten waren afkomstig uit bloed (85%), liquor (5%), of zowel bloed als liquor (6%). De vier overige isolaten waren afkomstig uit pleura-punctaat, knie-punctaat, placenta en pus. Van 86 patiënten werd het isolaat door het NRLBM geserotypeerd. *L. monocytogenes* serotype 4b werd bij 47% van de patiënten geïsoleerd en was daarmee het meest voorkomende serotype, gevolgd door 1/2a (44%) en 1/2b (7%) (zie Figuur 7.4). Serotype 1/2 en 1/2c werden elk eenmaal in 2022 aangetoond.

### 7.3.2 Clustering

Alle isolaten van patiënten en uit voedsel werden geanalyseerd met behulp van WGS. De gecombineerde WGS-data werden gebruikt voor clusterdetectie met core-genome multi-locus sequence typing (cgMLST) op basis van 1703 allelen [19]. Een cluster is gedefinieerd als een groep isolaten waarbij minimaal twee isolaten maximaal zeven allelen van elkaar verschillen. In totaal werden 27 clusters met zowel humane als voedselisolaten geïdentificeerd die 46 van de 87 humane isolaten uit 2022 bevatten:

- Zeven clusters met een persistente besmetting op een productielocatie:
  - zes clusters uit voorgaande jaren waarbij de besmetting gerelateerd is aan locaties waar vis verwerkt wordt groeide in 2022 met 1-6 humane isolaten (totaal 17 isolaten). In alle gevallen werd via de NVWA actie ondernomen op de betreffende locaties;
  - één cluster uit voorgaande jaren gerelateerd aan een vleesverwerkingslocatie werd uitgebreid met zes humane isolaten. De bron bleek leverworst van de betreffende locatie te zijn;
- Drie clusters omvatten elk twee humane isolaten uit 2022;
- De overige 17 clusters bevatten één humaan isolaat uit 2022 samen met:
  - een (voedsel)cluster op 7 allelen verschil (n=3);
  - een gemengd cluster met niet-humane en humane isolaten (n=3);
  - een voedselcluster (n=1) of een voedselisolaat (n=1);
  - één of meer humane isolaten uit eerdere jaren (n=9).

## 7.4 Discussie

Het aantal listeriose-meldingen lag in 2022 (n=102) iets hoger dan het mediane aantal meldingen in de periode 2012-2021 (n=95). Op basis van WGS wordt clusteranalyse uitgevoerd op een gezamenlijke dataset van humane isolaten en voedselisolaten. Geïdentificeerde clusters worden periodiek tussen NVWA, WFSR en RIVM gecommuniceerd en er wordt beoordeeld welke acties mogelijk danwel noodzakelijk zijn. Opvallend daarbij is dat in een groot deel van de clusters uit isolaten uit meerdere jaren bestaat. Er waren in 2022 zeven clusters met nieuwe

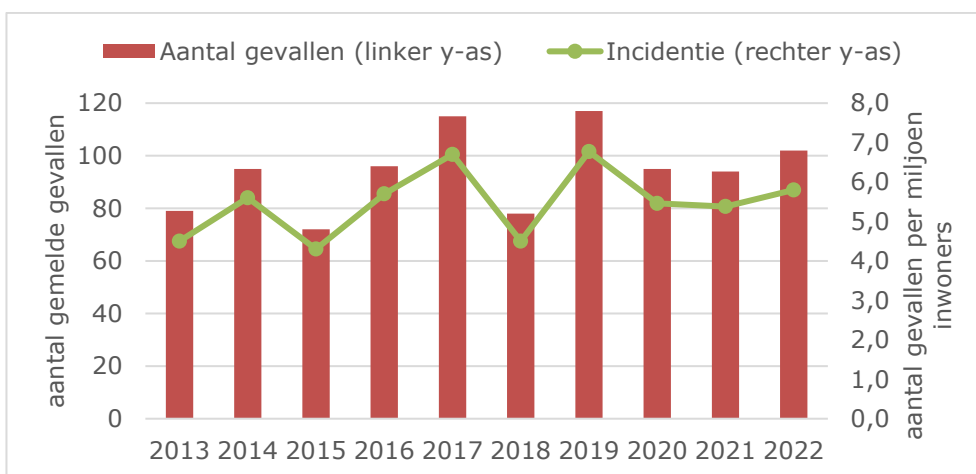
patiënten welke gerelateerd waren aan persistente besmettingen op productielocaties van met name vis. In 2022 zijn er vier veiligheidswaarschuwingen uitgegaan, te weten voor hamburgers, esfenaj & hummus (twee losse waarschuwingen voor twee producten van een bedrijf) en diverse rundvleesproducten (zie <https://www.nvwa.nl/onderwerpen/veiligheidswaarschuwingen>). Alle recalls met betrekking tot *L. monocytogenes* waren uit voorzorg, waarbij voor zover bekend de betreffende voedselproducten geen zieken veroorzaakt. Tevens zijn er in januari 2023 nog twee veiligheidswaarschuwingen uitgegaan met betrekking tot leverworst en veganistische kaas met zieken in (eind) 2022. Publiekelijke veiligheidswaarschuwingen en recalls worden alleen gedaan als de mogelijkheid bestaat dat het product nog op de markt is en/of bij mensen thuis aanwezig zou kunnen zijn.

Het aantal en percentage zwangeren varieerde tussen 2009 en 2021 met één tot 12 zwangeren en 1 tot 13% van alle meldingen per jaar. In 2022 werden in totaal acht zwangeren (8%) gemeld. De ziektelast in deze groep was daarbij hoog met vijf zieke baby's, waarvan er één is overleden en een doodgeboren kindje. Het aantal overleden volwassen patiënten (n=12; 12%) was in 2022 vergelijkbaar met de 4-19 (5-22%) overledenen per jaar in de periode 2009-2019.

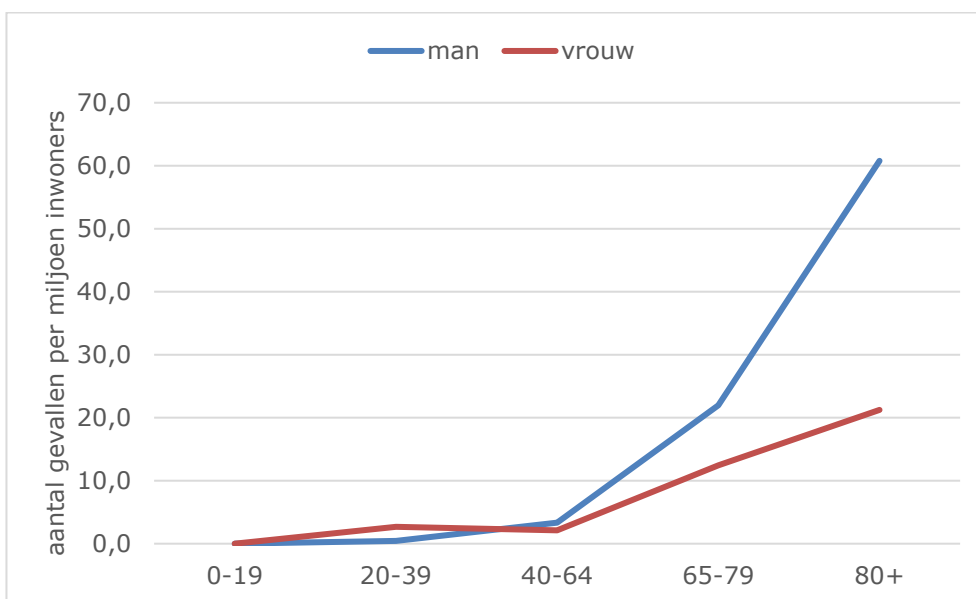
## 7.5 Tabellen en figuren

Tabel 7.1 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met listeriose, 2018-2022.

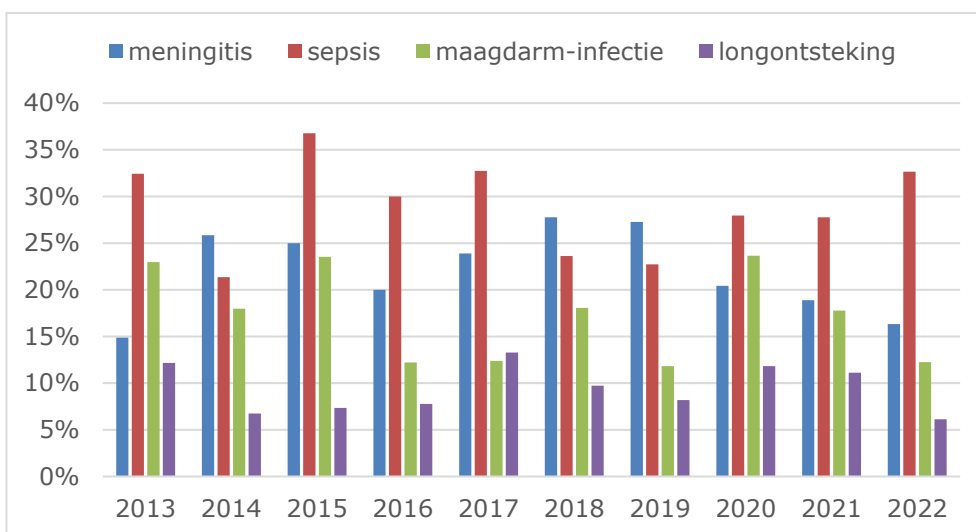
	2018	2019	2020	2021	2022
<b>Totaal</b>	<b>78</b>	<b>117</b>	<b>95</b>	<b>94</b>	<b>102</b>
Osiris-melding + isolaat	57 (73%)	96 (82%)	81 (85%)	79 (84%)	85 (83%)
Alleen Osiris-melding	16 (21%)	14 (12%)	12 (13%)	14 (15%)	15 (15%)
Alleen isolaat	5 (6%)	7 (6%)	2 (2%)	1 (1%)	2 (2%)
Man	46 (59%)	69 (59%)	59 (62%)	50 (53%)	64 (63%)
Zwanger	7 (9%)	4 (3%)	1 (1%)	12 (13%)	8 (8%)
Leeftijd mediaan (spreiding)	71 (24-94)	74 (32-95)	75 (29-98)	75 (27-95)	75 (28-94)
Overleden	4/71 (6%)	15/109	19/91	11/94	12/97
Leeftijd mediaan (spreiding)	74 (67-79)	82 (57-94)	83 (38-98)	81 (56-87)	77 (60-94)



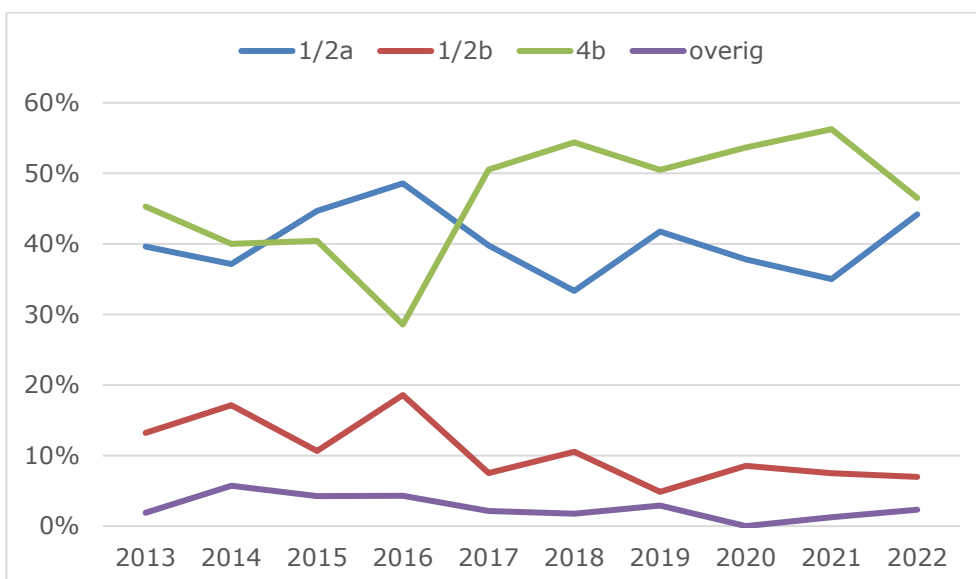
Figuur 7.1 Aantal gerapporteerde patiënten met een *L. monocytogenes*-infectie met bijbehorende incidentie, 2013-2022.



Figuur 7.2 Incidentie van listeriose per miljoen inwoners, per leeftijdsgroep (jaren) en geslacht, 2018-2022.



Figuur 7.3 Verdeling van vier belangrijkste ziektebeelden van listeriose, 2013-2022.



Figuur 7.4 Serotypering van de humane isolaten, 2013-2022.

## 8 Hepatitis A

*Auteurs: Ingrid Friesema, Harry Vennema, Eelco Franz*

### 8.1 Hoofdpunten

- In 2022 werden 93 personen met hepatitis A gemeld, dit komt neer op 5,3 patiënten per miljoen inwoners. Van 68 patiënten werd materiaal ingestuurd voor verdere typering. Genotype I.B werd het meest gezien.
- Voor zover bekend is geen van de gemelde patiënten aan hepatitis A overleden.
- In 2022 behoorden 51 van 93 patiënten tot een epidemiologisch en/of microbiologisch cluster: 12 epidemiologische clusters met in totaal 26 patiënten en 11 microbiologische clusters met in totaal 39 patiënten.

### 8.2 Achtergrond

Het hepatitis A-virus (HAV) is een RNA-virus uit de familie *Picornaviridae* en wordt fecaal-oraal overgedragen. Het virus is thermostabiel en kan tegen lage pH, uitdroging en schoonmaakmiddelen [20]. De mens vormt het reservoir, waarbij HAV naast direct van mens op mens ook indirect via voedsel of oppervlakken kan worden overgedragen.

Infecties met HAV kunnen asymptomatisch verlopen, waarbij vooral (kleine) kinderen vaak geen symptomen ontwikkelen. In geval van symptomatische hepatitis A is de infectie meestal zelflimiterend, met geelzucht, koorts, malaise, misselijkheid of braken, buikpijn en donkere urine als meest voorkomende symptomen [20]. In een klein deel van de patiënten ontstaat een levensbedreigende acuut leverfalen.

Hepatitis A is meldingsplichtig in Nederland, aangevuld met een laboratoriumsurveillance voor verdere typering van de stammen.

### 8.3 Epidemiologische situatie

#### 8.3.1

##### *Mens*

In 2022 werden 93 patiënten met hepatitis A gemeld, wat gelijk staat aan een incidentie van 5,3 patiënten per miljoen inwoners (zie Figuur 8.1). Het aantal gemelde patiënten is daarmee ten opzichte van 2020 (50 patiënten) en 2021 (77 patiënten) weer iets gestegen. In 2004 lag het aantal meldingen voor het laatst boven de 400 patiënten. Het aantal meldingen bleef gestaag dalen tot 80-81 in 2015-2016. In 2017 steeg het aantal sterk door een internationale uitbraak van hepatitis A onder voornamelijk mannen die seks hebben met mannen (MSM), veroorzaakt door drie verschillende HAV-stammen [21, 22]. Daarna daalde het aantal meldingen in 2018 en 2019 weer langzaam (zie Figuur 8.1). Van 73% van de patiënten werd materiaal ingestuurd voor verdere typering (zie Tabel 8.1). Bijzonder is dat genotype I.B veruit het meest voorkwam in 2022, waar in voorgaande jaren genotype I.A het meest voorkwam (zie Tabel 8.1 en Figuur 8.1). In de periode 2018-2022 is het aandeel van genotype I.A, binnen de groep met een stam beschikbaar, van 81% in 2018 teruggelopen naar

23% in 2022. Voor genotype I.B werd juist het omgekeerde gezien met 11% in 2018 naar 67% in 2022. Genotype I.A werd in 2022 vooral gezien bij infecties die in het buitenland waren opgelopen (12/15; 80%), terwijl genotype I.B juist meer in infecties met onbekende transmissieroute binnen Nederland (17/43; 40%) werd aangetoond.

In 2022 werden meer mannen (n=53) dan vrouwen (n=40) gediagnosticeerd met hepatitis A, wat in de meeste voorgaande jaren ook het geval was (zie Tabel 8.1). Van de patiënten werd 35% opgenomen in een ziekenhuis, wat hoger is ten opzichte van 23-30% in de jaren 2018-2021. In de afgelopen vijf jaar is voor zover bekend niemand aan hepatitis A overleden. Mediane leeftijd van de gemelde patiënten is 27 jaar, wat (iets) lager is dan de voorgaande jaren; 71% van de patiënten was tussen vijf en 39 jaar oud ten opzichte van 47-70% in de jaren 2018-2021 (zie Figuur 8.2).

Op basis van de beschikbare informatie is bekeken wat per melding de meest waarschijnlijke transmissieroute is geweest. De infectie was bij 32 infecties zeer waarschijnlijk in het buitenland opgelopen en daarmee de meest waarschijnlijke transmissieroute (zie Tabel 8.2). Het aandeel van in het buitenland opgelopen infecties (34%) is daarmee weer vergelijkbaar met de jaren voor de COVID19 pandemie (2018-2019: 32-40%). De meeste reisgerelateerde infecties werden in 2022 opgelopen in Afrika en Azië. Azië is nu voor het tweede jaar op rij minstens een even grote bron als Afrika, terwijl dit continent voor COVID19 beduidend minder vaak genoemd werd. De meest genoemde landen waren India (n=4) en Marokko (n=4). Twaalf patiënten (13%) waren ziek geworden na contact met een andere hepatitis A-patiënt met een minimum van een week tussen de betreffende eerste ziektedagen. Daarnaast waren er vier patiënten waar er wel een andere zieke was, maar de eerste ziektedagen dicht bij elkaar lagen of dit onbekend was. Ook werden er drie infecties onder MSM gemeld, vier via voedsel en vier infecties opgelopen tijdens werkzaamheden (elektricien, afvalverwerking, dierenarts, medewerker kinderdagopvang). Ten slotte was voor 37% van de patiënten de transmissieroute onbekend.

### 8.3.2 *Voedsel*

In 2022 werden, in tegenstelling tot 2021, geen clusters gedetecteerd waarbij voedsel de meest waarschijnlijke transmissieroute was.

### 8.3.3 *Clustering*

Clusters kunnen op twee manieren worden gedefinieerd. De patiënten kunnen aan elkaar worden gerelateerd op basis van epidemiologische gegevens, bijvoorbeeld meerdere zieken in één gezin; bij de tweede optie worden (vrijwel) identieke HAV-stammen aangetroffen bij verschillende patiënten.

In 2022 werden twaalf epidemiologische clusters met in totaal 26 patiënten gemeld en elf microbiologische clusters gedetecteerd met in totaal 39 patiënten. Veertien patiënten uit epidemiologische clusters behoorden ook tot een microbiologisch cluster, waarmee 51 van 93 patiënten in 2022 tot een cluster behoorde. Vier van de elf epidemiologische clusters speelden zich binnen het huishouden af; drie clusters betroffen familieleden die niet uit een huishouden kwamen en/of

vrienden en bekenden; binnen één cluster was er zowel een secundair geval binnen het huishouden als een ziek kind en medewerker op het kinderdagverblijf. Het eerste ziektegeval binnen het negende cluster was onderdeel van een buitenlands MSM-cluster, die vervolgens in Nederland een andere MSM'er en twee vrienden besmette. De zieken in de overige drie clusters raakten allen in het buitenland besmet. De microbiologische clusters bestonden uit maximaal vijf patiënten. In twee gevallen betrof het een stam die internationaal werd gezien, de ene leidde tot een epidemiologisch gelinkt cluster en de andere leidde wel tot meerdere ziektegevallen in Nederland maar zonder duidelijke link. Twee andere epidemiologische clusters konden microbiologisch bewezen worden. Binnen twee clusters werden de infecties in het buitenland opgelopen. In de overige clusters was er hooguit een clustering in tijd en/of geografische spreiding te zien.

## 8.4 Discussie

Het aantal hepatitis A-meldingen lag in 2020 historisch laag, met slechts 50 meldingen. Het aantal in 2022 is ondertussen weer vergelijkbaar met de aantallen in de laatste jaren voor COVID19. Vooral het aandeel in het buitenland opgelopen infecties is weer terug op het oude niveau. Aan de andere kant werden weinig voedselgerelateerde infecties gezien, al kan niet uitgesloten worden dat een deel van de infecties met onbekende oorzaak via voedsel zijn ontstaan.

## 8.5 Tabellen en figuren

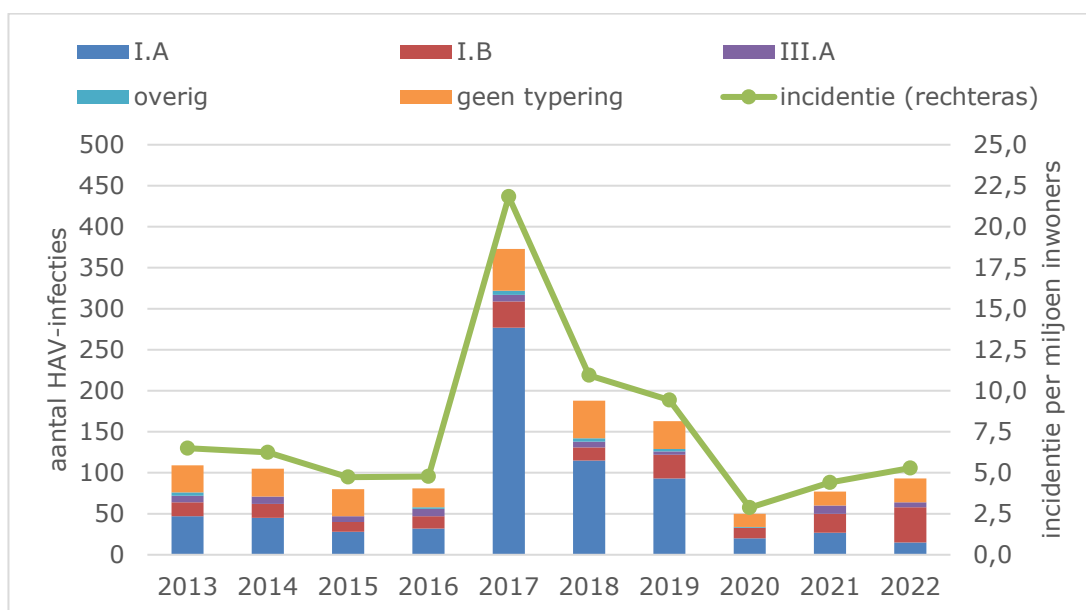
Tabel 8.1 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met hepatitis A, 2018-2022.

	2018	2019	2020	2021	2022
<b>Totaal</b>	<b>188</b>	<b>163</b>	<b>50</b>	<b>77</b>	<b>93</b>
Met isolaat	154 (82%)	137 (84%)	37 (74%)	69 (90%)	68 (73%)
I.A	115	93	20	27	15
I.B	16	29	13	23	43
II.A	0	0	0	0	0
III.A	7	4	0	10	6
Niet typeerbaar	4	6	1	4	2
Negatief	12	5	3	5	2
Man	113 (60%)	113 (69%)	31 (62%)	38 (49%)	53 (57%)
Leeftijd mediaan (spreiding)	31 (1-84)	30 (2-76)	29 (3-87)	37 (0-92)	27 (2-82)
Ziekenhuis- opname	57/187 (30%)	37/163 (23%)	12/47 (26%)	23/77 (30%)	30/86 (35%)
Overleden	0	0	0	0	0

Tabel 8.2 Aantal patiënten met hepatitis A naar meest waarschijnlijke bron, 2018-2022.

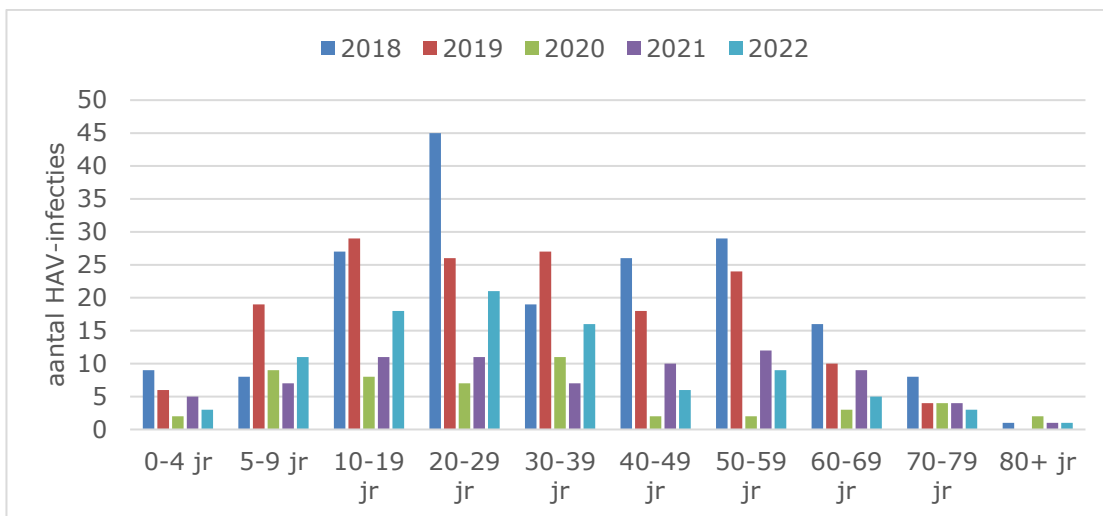
	2018	2019	2020	2021	2022
Sekscontact/MSM	40 (21%)	31 (19%)	0	2 (3%)	3 (3%)
Buitenland	60 (32%)	65 (40%)	9 (18%)	17 (22%)	32 (34%)
Europa	9 (15%)	11 (17%)	2 (22%)	1 (6%)	9 (28%)
Afrika	32 (53%)	39 (60%)	6 (67%)	3 (18%)	11 (34%)
Azië	13 (22%)	14 (22%)	0	13 (76%)	11 (34%)
Noord-Amerika	2 (3%)	0	1 (11%)	0	0
Midden-Amerika	0	0	0	0	1 (3%)
Zuid-Amerika	4 (7%)	1 (2%)	0	0	0
Secundaire case*	4 (2%)	22 (14%)	15 (30%)	5 (6%)	12 (13%)
Epilink*	0	2 (1%)	0	2 (3%)	4 (4%)
Toilet/riool	4 (2%)	1 (1%)	2 (4%)	0	1 (1%)
Werk	0	0	0	2 (3%)	4 (4%)
Voedsel	23 (12%)	5 (3%)	3 (6%)	25 (32%)	3 (3%)
Onbekend	57 (30%)	37 (23%)	21 (42%)	24 (31%)	34 (37%)

\*Secundaire case: ziek geworden na contact met een hepatitis A-patiënt met een minimum van 1 week tussen de eerste ziektedagen; Epilink: vermelding van een andere zieke, maar met minder dan 1 week tussen de eerste ziektedagen of onbekend hoe lang deze tussenperiode was.



Figuur 8.1 Aantal gerapporteerde patiënten met hepatitis A naar typering (linker as) en incidentie per miljoen inwoners (rechter as), 2013-2022.





Figuur 8.2 Leeftijdsverdeling van patiënten met hepatitis A, 2018-2022.



## 9 Andere zoönotische infecties

### 9.1 Botulisme

*Auteurs: Ingrid Friesema, Miriam Koene (WBVR)*

#### 9.1.1 Hoofdpunten

- In de afgelopen tien jaar zijn slechts drie gevallen van voedsel-gerelateerd botulisme gemeld, waarvan één in 2022.

#### 9.1.2 Achtergrond

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

#### 9.1.3 Epidemiologische situatie

Botulisme geeft een acuut, koortsvrij beeld. De symmetrische, afdalende, slappe verlamming begint altijd met een dubbelzijdige uitval van de aangezichts- en keel-musculatuur. Meestal betreft botulisme bij mensen een voedselvergiftiging waarbij neurotoxines zijn gevormd in slecht geconserveerde levensmiddelen (bekend zijn zelf ingemaakte producten). Andere vormen van botulisme zijn wondbotulisme en infantiel botulisme. De laatstgenoemde vorm komt voor bij zuigelingen, waarbij uitgroei mogelijk is van sporen van *C. botulinum* in de darm door onvoldoende ontwikkeling van competitieve darmflora. Aangezien honing bacteriesporen kan bevatten van *C. botulinum*, wordt afgeraden honing te geven aan kinderen jonger dan een jaar [23].

In Nederland komt botulisme bij mensen slechts zeer incidenteel voor. In de periode 2006-2021 zijn er in totaal 13 patiënten gemeld, waarvan tien voedsel-gerelateerd en drie gevallen van infantiel botulisme. Van de tien voedsel-gerelateerde botulisme was één patiënt gerelateerd aan Servië (2007), zeven patiënten aan een cruise in Turkije (2008) en twee patiënten waren in Nederland (2016), waarbij één van beiden uit Polen kwam [24-26]. De drie baby's (< 6 maanden) met laboratorium bevestigd infantiel botulisme (eenmaal in 2006 en twee in 2012) waren alle drie gerelateerd aan Nederland.

In 2022 werd door WBVR (Wageningen Bioveterinary Research) materiaal onderzocht afkomstig van negen patiënten, in verband met verdenking op of ter uitsluiting van botulisme. Bij één patiënt werd BoNT/E aangetoond in de feces van de patiënt. Dit is het

enige gemelde humane geval van (voedsel-gerelateerd) botulisme in Nederland in 2022. De precieze bron is niet gevonden.

## 9.2 Brucellose

*Auteur: Lola Tulen*

### 9.2.1 Hoofdpunten

- In 2022 werden zes patiënten met brucellose gemeld, waarvan vier infecties waren opgelopen in het buitenland.
- In de afgelopen vijf jaar zijn in totaal 23 patiënten (2-7 per jaar) gemeld.

### 9.2.2 Achtergrond

Brucellose komt wereldwijd voor; slechts enkele landen hebben brucellose in de landbouwhuisdierenpopulatie effectief bestreden. Nederland is volgens de OIE en andere officiële instanties sinds 1999 officieel vrij van brucellose. Brucellose wordt veroorzaakt door een bacterie van het geslacht *Brucella*. *Brucella abortus* veroorzaakt brucellose bij herkauwers, voornamelijk runderen, en wordt ook wel Abortus Bang genoemd. *B. melitensis* en *B. ovis* veroorzaken brucellose bij geiten en schapen, terwijl *Brucella suis* en *Brucella canis* brucellose veroorzaken bij respectievelijk varkens en honden. Brucellose bij dieren leidt voornamelijk tot reproductiestoornissen en abortus. Bij varkens wordt ook artritis gezien en bij paarden kan brucellose tot een heel ander ziektebeeld leiden (fistels en builen aan nek en schoft). *Brucella*-soorten zijn echter niet strikt soort specifiek. Mensen zijn gevoelig voor met name *B. melitensis*, *B. abortus*, *B. suis* biovars 1 en 3, *B. canis* en in mindere mate voor *B. pinnipedialis* en *B. ceti*. Besmette dieren scheiden de bacterie uit in melk, urine, ontlasting, sperma, vaginale excreta en placentamateriaal. Infecties bij mensen kunnen subklinisch, acuut of chronisch verlopen. Verschijnselen zijn koorts, hoofdpijn, malaise, moeheid, zweten en gewrichtsklachten (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 [27].

### 9.2.3 Epidemiologische situatie

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 zes patiënten (vier vrouwen tussen 52 en 65 jaar oud en twee mannen van 61 en 69 jaar oud) met brucellose gemeld in Osiris met een eerste ziektedag in 2022. Het betrof bij vier patiënten een infectie met *B. melitensis*, twee van hen hadden de infectie mogelijk opgelopen via consumptie van ongepasteuriseerde zuivelproducten in of uit het buitenland, waaronder rauwmelkse kaas uit Bangladesh en rauwe schapenmelk in Bosnië en Herzegovina. Daarnaast had één van de patiënten de infectie mogelijk opgelopen tijdens werkzaamheden als dierenarts op een schapenboerderij in Iran. De vierde patiënt had de infectie mogelijk opgelopen via consumptie van zelf bereid schapenvlees afkomstig van een boer in Nederland. De overige twee patiënten werden serologisch

gediagnosticeerd met *Brucella* spp. Eén van hen had de infectie mogelijk opgelopen via voedsel in Turkije en bij de andere patiënt was de mogelijke bron onbekend. Vier van de in totaal zes patiënten werden ten gevolge van de infectie opgenomen in het ziekenhuis.

#### 9.2.4 Tabellen en figuren

Tabel 9.2.1 Aantal gemelde humane patiënten geïnfecteerd met *Brucella* spp. (Bron: Osiris).

Jaar	2018	2019	2020	2021	2022
Aantal meldingen	5	7	3	2	6
Opgelopen in Turkije/Irak	1/1	0/2	2/0	0/0	1/0

### 9.3 Leptospirose

Auteurs: Roan Pijnacker, Erika van Elzaker (AUMC)

#### 9.3.1 Hoofdpunten

- In 2022 werden 91 leptospirose gevallen gemeld, waarvan 49 de infectie hadden opgelopen in Nederland.

#### 9.3.2 Achtergrond

Leptospirose is een bacteriële infectie veroorzaakt door leptospiren. In Nederland zijn de belangrijkste veroorzakers voor ziekte bij de mens de serovars Icterohaemorrhagiae, Copenhageni en Grippotyphosa. De eerste twee serovars hebben als voornaamste reservoir bruine ratten en voor de derde zijn dit (veld)muizen en muskusratten. Leptospiren leven in de nieren van hun natuurlijke gastheer en worden uitgescheiden met de urine. Besmetting van de mens gebeurt door direct contact met besmette urine, of indirect contact via bijvoorbeeld besmet oppervlaktewater of modder.

Het ziektebeeld is erg variabel en komt overeen met een groot aantal andere infecties en ziektebeelden. De meest voorkomende symptomen zijn koorts, spierpijn, hoofdpijn, koude rillingen, diarree, braken en verminderde urineproductie. In ernstige gevallen kan de ziekte leiden tot verstoringen in de nier-, en leverfuncties en bloedingsneiging (ziekte van Weil) of hersenvliesontsteking. Het merendeel van de infecties verloopt echter asymptomatisch of mild, wat vaak niet wordt herkend. Dit reflecteert zich in het hoge percentage ziekenhuisopnames onder meldingen van leptospirose bij patiënten.

#### 9.3.3 Epidemiologische situatie

In 2014 werd een bijna vijfvoudige toename gezien van het aantal leptospirose patiënten dat de infectie opliep in Nederland (n=60) ten opzichte van 2010-2013. Het totaal aantal patiënten kwam uit op 97. Sindsdien werd een graduele afname gezien, totdat er in 2019 124 leptospirose patiënten werden gediagnosticeerd, waarvan 57 de infectie opliepen in Nederland. Hoewel in 2020 (n=64) en 2021 (n=58) het totaal aantal patiënten lager was (n=64), was deze afname minder voor patiënten die de infectie opliepen in Nederland, met respectievelijk 56 en 49 patiënten. De afname in reisgerelateerde gevallen was het directe gevolg van de COVID19 reisrestricties.

In 2022 werden 91 leptospirose patiënten gemeld, waarvan 49 de infectie opliep in Nederland en 40 in het buitenland. Van twee patiënten was het land van besmetting onbekend. Het merendeel van de patiënten was man (n=65, 71%), wat gebruikelijk is voor leptospirose. De mediane leeftijd was 39 jaar (spreiding: 5-83 jaar). Vergelijkbaar met voorgaande jaren was bij 46 (94%) patiënten die leptospirose opliepen in Nederland ziekenhuisopname nodig, waarvan 12 (26%) op de intensive care. Van de reisgerelateerde patiënten waren er 23 (58%) opgenomen in het ziekenhuis, maar geen van hen op de intensive care. Geen van de patiënten overleed als gevolg van de ziekte.

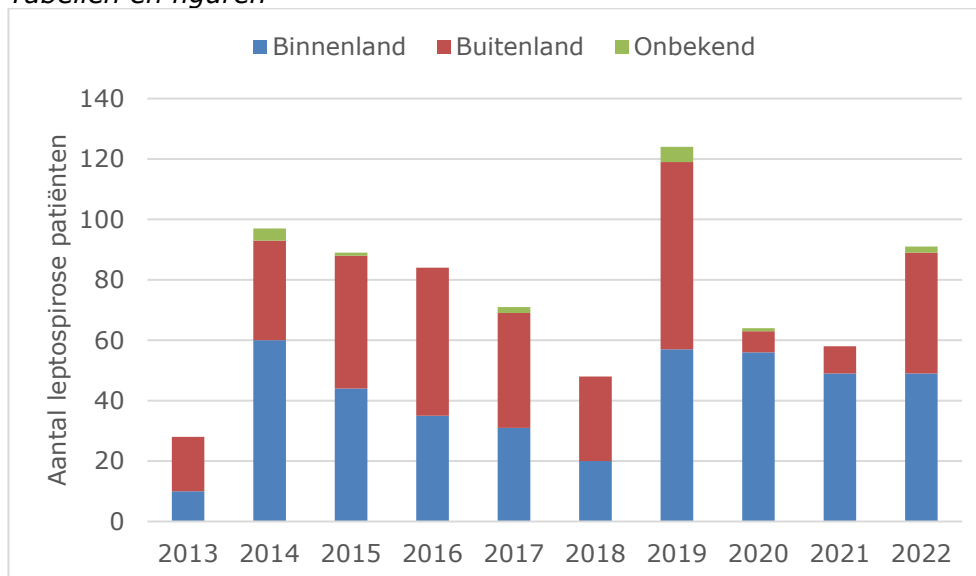
Zoals gebruikelijke nam ook dit jaar het aantal patiënten toe in de maanden juni/juli en nam het weer af in oktober/november. De piek van het aantal patiënten was in augustus, september en oktober, met respectievelijk 25, 16 en 15 patiënten. Tien (11%) patiënten liep leptospirose op tijdens werk, waaronder werkzaamheden waarbij contact was met water/modder of (in)direct contact met muizen/ratten. De meeste besmettingen van patiënten die de infectie opliepen in Nederland vonden plaats via oppervlaktewater en/of modder (n=34, 70%), zoals tijdens zwemmen of mud runs. Bij tien patiënten (20%) werd leptospirose opgelopen via (in)direct contact met ratten en/of muizen. Bij vijf patiënten (10%) kon de meest waarschijnlijke besmettingsroute niet bepaald worden. De reisgerelateerde patiënten waarbij de bron van besmetting bekend was (n=37) liepen de infectie allemaal op via modder en/of oppervlaktewater. Zij liepen de infectie voornamelijk op in Zuidoost Azië (n=22, 55%), voornamelijk Thailand (n=15), gevolgd door Zuid Amerika (n=6) en Centraal Amerika (n=6).

#### 9.3.4

##### *Discussie*

De afgelopen decennia kent het aantal patiënten met leptospirose een opvallende trend. Na een jarenlange stabiele trend met geringe variatie in het aantal patiënten, nam het aantal leptospirose patiënten dat de infectie in Nederland opliep sterk toe in 2014. Hoewel dit aantal in de jaren erna afnam, bleef het hoger dan vóór 2014. Sinds 2019 was dit aantal weer vergelijkbaar met 2014. Er lijkt echter niks veranderd in de manier waarop patiënten de infectie oplopen. De voornaamste serovars zijn namelijk nog steeds Copenhageni en Icterohaemorrhagiae (beide behorend tot serogroep Icterohaemorrhagiae) en patiënten lopen de infectie vooral op via oppervlaktewater en modder.

### 9.3.5 Tabellen en figuren



Figuur 9.3.1 Aantal gemelde patiënten met leptospirose naar land van besmetting, 2013-2022.

## 9.4 Miltvuur/Anthrax

Auteur: Ingrid Friesema

### 9.4.1 Hoofdpunten

- In de afgelopen tien jaar zijn slechts twee gevallen van huidantrax gemeld, beide in 2018 en beide in het buitenland opgelopen.

### 9.4.2 Achtergrond

Anthrax, 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 toxines vormen met oedeemvorming, necrose van endotheelcellen en bloedingen tot gevolg. De cutane vorm, waarbij besmetting via de huid heeft plaatsgevonden, komt bij mensen het meeste voor. Er ontstaat dan een pijnloos, jeukend bultje wat 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 aërosolen 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 [28]. 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 ook bij humane patiënten kan optreden.

### 9.4.3 *Epidemiologische situatie*

Miltvuur is conform de Wpg een meldingsplichtige ziekte groep C. Het staat hoog op de lijst van potentiële biologische wapens, ondanks 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 vrij kwamen leidden tot 22 besmettingen en eisten uiteindelijk vijf slachtoffers [29]. Het ging hier ook om weaponized materiaal; door het toevoegen van een statische lading gedroegen antrax sporen zich als een aërosol waardoor de verspreiding gemakkelijk verliep. Ook in Nederland zijn sindsdien poederbrieven verzonden die door het RIVM (Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu) 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. De twee meest recente werden in 2018 gemeld met huidantrax opgelopen in Tanzania en Turkije. In 2022 zijn geen nieuwe patiënten gemeld.

## 9.5 **Orthohantavirus**

*Auteurs: Roan Pijnacker, Johan Reimerink*

### 9.5.1 *Hoofdpunten*

- In 2021 waren 37 meldingen van patiënten met een orthohantavirusinfectie. Dit is vergelijkbaar met het gemiddelde van 37 in 2017-2020 (spreiding: 19-51 meldingen).

### 9.5.2 *Achtergrond*

Er zijn verschillende typen orthohantavirussen die geassocieerd zijn met verschillende unieke dierreservoirs. Niet alle orthohantavirussen kunnen ziekte bij de mens veroorzaken. In Nederland zijn de volgende orthohantavirussen aangetoond: puumalavirus (verspreiding Noord-Europa), seoulvirus (wereldwijd) en tulavirus (Rusland, Europa), terwijl elders in Europa ook dobrova-belgradevirus (Balkan, Zuidoost-Europa) en saaremavirus (Balkan, Zuidoost-Europa) worden gevonden [31]. In Nederland worden vrijwel alle orthohantavirusinfecties bij de mens veroorzaakt door het puumalavirus (PUUV), waarvoor de rosse woelmuis het reservoir is. Sinds 2016 zijn enkele patiënten gediagnosticeerd met het seoulvirus, waarvoor de zwarte en bruine rat (incl. gehouden ratten) de reservoirs zijn [32].

De belangrijkste besmettingsroute van de mens voor het oplopen van een orthohantavirusinfectie is door inhalatie van aërosolen met feces en urine van besmette knaagdieren. Deze aërosolen ontstaan bijvoorbeeld door het vegen van een schuur of het betreden/ventileren van een



ruimte die lange tijd leeg heeft gestaan, waardoor virusdeeltjes in stof of opgedroogde feces kunnen opwaaien. Dit is ook in Nederland de route waarop patiënten meestal een infectie oplopen met het PUUV. Een minder belangrijke route voor infectie met het PUUV is direct contact met knaagdieren of het aanraken van besmette producten. Alle gerapporteerde Seoulvirusinfecties in Nederland liepen het op door direct of indirect contact met besmette voeder- of huisdierratten [33].

Meestal verloopt een infectie met een orthohantavirus bij de mens asymptomatisch of mild. Maar bij een klein percentage wordt één van de twee verschillende ziektebeelden veroorzaakt, namelijk hemorragische koorts met renaal syndroom (HKRS) door orthohantavirussen die circuleren in Europa en Azië, en orthohantavirus (cardio)pulmonaal syndroom (HPS) door orthohantavirussen die circuleren in Amerika. In Nederland is het belangrijkste klinische syndroom van PUUV een milde vorm van HKRS, nefropathia epidemica (NE). Bij seoulvirus wordt vaak ook een leverontsteking gezien, wat duidelijke onderscheidend is van het klinische beeld van PUUV patiënten, bij wie dit niet wordt gezien.

### 9.5.3 *Epidemiologische situatie*

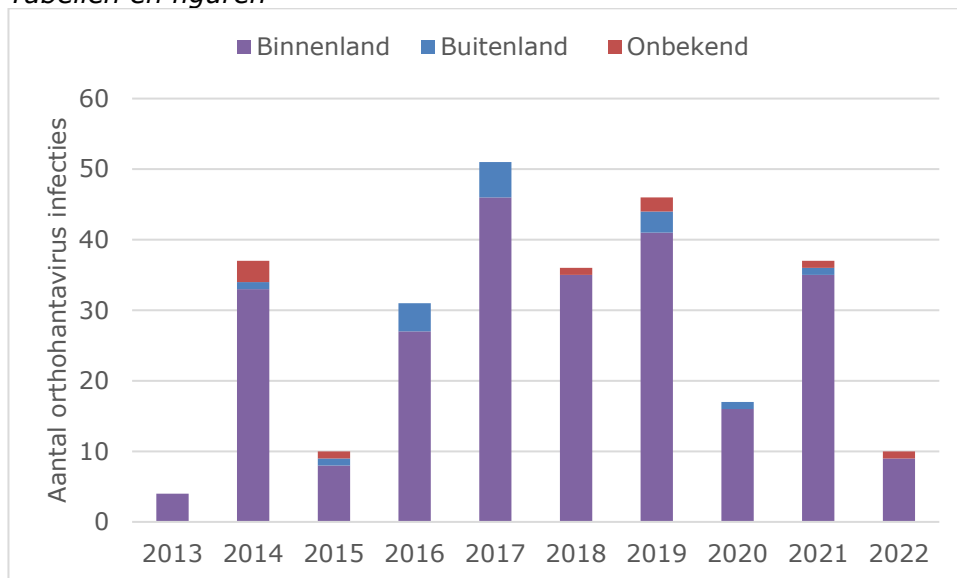
In 2022 werden tien meldingen gedaan van orthohantavirusinfecties bij mensen. Dit aantal is meer dan drie keer zo laag als in 2019-2021 (gemiddelde: 35 meldingen, spreiding: 20-46). Het betrof in alle gevallen een infectie met het puumalavirus. Zoals gebruikelijk kwamen patiënten voornamelijk uit het zuidoosten van het land (n=9, 90%). GGD Brabant-Zuidoost (n=3) deed de meeste meldingen, gevolgd door GGD regio Twente (n=2) en Limburg Noord (n=2). Dit is vergelijkbaar met 2020 en 2021, toen ook de meeste meldingen werden gedaan door GGD Brabant-Zuidoost, terwijl het in voorgaande jaren meestal GGD regio Twente was. Verder waren het zeven mannen en drie vrouwen, wat een gebruikelijke man-vrouw verdeling is voor orthohantavirusinfecties, met een mediane leeftijd van 45 jaar (3-68 jaar). Van acht patiënten was informatie over ziekenhuisopname beschikbaar, waarvan er zes (75%) opgenomen waren in het ziekenhuis.

Zoals gebruikelijk werden vrijwel alle infecties (n=9, 90%) opgelopen in Nederland. Bij één patiënt was het land van besmetting onbekend. De meeste patiënten hadden als meest waarschijnlijke bron van besmetting het schoonvegen of betreden van een ruimte die lange tijd leegstond zoals een schuur, zolder of stal.

### 9.5.4 *Discussie*

In 2022 werden slechts tien meldingen van orthohantavirus gedaan. Het is bekend dat het aantal orthohantavirus meldingen sterk kan variëren per jaar. Opvallend was dat in 2022, net als in 2020 en 2021, meer meldingen afkomstig waren uit GGD regio Brabant Zuidoost dan uit GGD regio Twente, terwijl dit in voorgaande jaren vaak andersom was.

### 9.5.5 Tabellen en figuren



Figuur 9.5.1 Aantal gemelde patiënten met een orthohantavirusinfectie naar land van besmetting, 2013-2022.

## 9.6 Trichinellose

Auteurs: Titia Kortbeek, Lola Tulen

### 9.6.1 Hoofdpunten

- In 2022 werd één patiënt met trichinellose gemeld. Dit betrof een 35-jarige vrouw met eosinofilie en oedeem in het oog. De besmetting heeft waarschijnlijk plaatsgevonden in Eritrea, de mogelijke bron is onbekend.

### 9.6.2 Achtergrond

*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 [34, 35]. Na opname van de larven door consumptie van besmet vlees, komen de larven in de dunne darm vrij. Ze dringen de darmwand in en ontwikkelen zich daar tot volwassen mannetjes en vrouwtjes. Na bevruchting produceren de vrouwtjes levende larven in de darm. Deze larven gaan door de darmwand heen en kapselen zich in, in spiercellen van hun gastheer. Langs deze weg kan *Trichinella* opgenomen en verspreid worden in spiercellen van de gastheer, 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 [36] en tot maanden of een jaar in koude gebieden (*T. nativa*) [37]. 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 [38]. 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) [39]. Trichinellose kan zeer heftig en letaal verlopen. De ernst hangt samen met de hoeveelheid larven die iemand binnenkrijgt en met de *Trichinella*-soort, en of de larven in hersenen of hart zijn binnengedrongen. In 2014 is er een uitbraak geweest van trichinellose onder gasten van een aantal restaurants in België waar geïmporteerd wild zwijn werd geserveerd [40]. Ook nadien zijn nog diverse uitbraken gerapporteerd in Europa [41-44].

### 9.6.3 *Epidemiologische situatie*

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). Binnen de meldingsplicht werd één patiënt gemeld met een eerste ziektedag in 2022. Dit betrof een 35-jarige vrouw met eosinofilie en oedeem in het oog, waarbij *Trichinella* antistoffen konden worden aangetoond. De besmetting heeft waarschijnlijk plaatsgevonden in Eritrea, de mogelijke bron is onbekend.

## 9.7 **Tularemie**

*Auteurs: Lola Tulen, Daan Notermans, Maaike van den Beld*

### 9.7.1 *Hoofdpunten*

- Sinds 2011 zijn na decennia van afwezigheid in totaal 30 gevallen (0-9 per jaar) van tularemie bij mensen vastgesteld.
- In 2022 werd één patiënt met tularemie gemeld, mogelijk opgelopen via contact met een besmette haas.

### 9.7.2 *Achtergrond*

Tularemie (hazenpest) wordt veroorzaakt door de bacterie *Francisella tularensis*. In Europa komt vrijwel alleen subspecies *holarctica* voor. Besmettingen kunnen voorkomen bij zeer veel diersoorten, waaronder zoogdieren, vogels en invertebraten. Vooral haasachtigen en knaagdieren zijn gevoelig voor infecties en spelen een belangrijke rol bij humane besmettingen. Verschillende transmissieroutes van *F. tularensis* naar de mens zijn bekend: via steken of bijten door arthropoden (onder andere teken, dazen, muggen), via contact met besmette dieren bij een beschadigde huid, via ingestie van besmet (oppervlakte)water of voedsel, of door inhalatie van gecontamineerd stof of aërosolen. 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. Tularemie is sinds november 2016 een humane meldingsplichtige ziekte.

Na decennia van afwezigheid in Nederland wordt vanaf 2011 bij patiënten weer incidenteel tularemie vastgesteld. In de periode 2011-2022 betrof dit in totaal 30 gevallen van tularemie bij mensen, waarvan drie patiënten mogelijk de besmetting in het buitenland hebben opgelopen. De infecties komen verspreid over Nederland voor, waarbij het tot nu toe steeds om individuele, op zichzelf staande gevallen gaat, met uitzondering van één casus uit 2014 waarbij twee patiënten werden besmet door het hanteren/villen van eenzelfde haas. Bij de meerderheid van de Nederlandse gevallen kon de waarschijnlijke besmettingsroute worden achterhaald. Dat waren een insecten- of dazenbeet, contact met (of consumptie van) een dode haas, een muizenbeet, inhalatie van besmette aerosolen tijdens hovenierswerkzaamheden, en contact met besmet water of modder, zoals tijdens deelname aan een modderrace [45].

### 9.7.3 *Epidemiologische situatie*

#### 9.7.3.1 Mens

De diagnose tularemie is gesteld bij één patiënt met een eerste ziektedag in 2022. Deze patiënt had eind december 2021 een haas geschoten in Noord-Nederland en deze vervolgens zonder handschoenen geslacht en gefileerd. De patiënt werd in januari 2022 met een longontsteking opgenomen in het ziekenhuis, waarbij serologisch de diagnose tularemie is vastgesteld.

#### 9.7.3.2 Clades van *F. tularensis*

In Europa wordt tularemie vrijwel uitsluitend veroorzaakt door *F. tularensis* subspecies *holarctica*, waarvan op basis van fylogenetisch onderzoek een aantal basale clades kunnen worden onderscheiden, met een duidelijke geografische verspreiding. De belangrijkste clades zijn de zogenoemde B.6, die voornamelijk wordt gevonden in westelijke en centrale delen van Europa, terwijl clade B.12 in Centraal- en Oost-Europa voorkomt. Beide typen komen ook in Nederland voor [46]. Omdat er geen isolaat door het RIVM is ontvangen van het humane geval uit 2022 is er geen genotypering uitgevoerd. Op de dierlijke samples is geen genotypering uitgevoerd in 2022.

## 9.8 **Rabiës**

*Auteurs: Alexander van der Gaag, Sabiena Feenstra, Lola Tulen*

### 9.8.1 *Hoofdpunten*

- In de afgelopen tien jaar zijn slechts twee patiënten (in 2013 en 2014) met een rabiësinfectie gemeld. Beide infecties waren het gevolg van een hondenbeet in het buitenland (Haïti en India).

### 9.8.2 *Achtergrond*

Rabiës (hondsdolheid) is een zoönotische infectieziekte overgedragen door zoogdieren, voornamelijk via een beet, krab of kras van een

besmet dier of via een lik op beschadigde huid of slijmvliezen. De ziekte heeft een mortaliteit van ongeveer 60.000 personen per jaar wereldwijd, van wie het merendeel in Azië en Afrika [47]. Het rabiësvirus behoort tot de groep lyssavirussen, waarvan zeventien verschillende typen door de ICTV zijn erkend, waaronder het klassiek rabiësvirus, met name voorkomend bij honden wereldwijd, en het European bat lyssavirus (EBLV), wat voorkomt bij vlermuizen in Europa [48]. Naar verwachting hebben alle lyssavirussen één of meerdere vleermuissoorten als gastheer.

### 9.8.3 *Epidemiologische situatie*

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. In de afgelopen decennia zijn slechts acht patiënten met rabiësinfectie beschreven [49]. In 1962 deed zich een kleine uitbraak voor met vier ziektegevallen, na illegale import van een hondje. Drie andere patiënten overleden in Nederland na een hondenbeet in het buitenland (1996, 2013 en 2014), zij hadden allen ter plaatste geen of geen volledige post-expositieprofylaxe (PEP) gehad. Daarnaast overleed in 2007 een Nederlandse patiënt nadat in Kenia een vleermuis krassen had toegebracht op haar neus en zij geen PEP kreeg [49].

## 9.9 **Yersiniose**

*Auteurs: Roan Pijnacker, Maren Lanz, Maaike van Den Beld, Oda van den Berg, Eelco Franz*

### 9.9.1 *Hoofdpunten*

- De (nog beperkte) data uit de kiemsurveillane van *Yersinia* laat zien er relatief weinig clustering is bij dit pathogeen wat duidt op een diversiteit aan bronnen van besmetting.

### 9.9.2 *Achtergrond*

Yersiniose wordt in Nederland voornamelijk veroorzaakt door *Yersinia enterocolitica*, welke meestal via voedsel bij de mens terecht komt. Infectie kan ontsteking van het darmslijmvlies veroorzaken, leidend tot symptomen zoals koorts, buikpijn, en diarree (al dan niet met bloed). Zeldzamer zijn pseudoappendicitis en immuungemedieerde gewrichtsklachten en de huidaandoening erythema nodosum. *Y. enterocolitica* is een zoönose die normaal voorkomt bij varkens en knaagdieren, maar ook in grond en water. *Yersinia pseudotuberculosis* kan bij vrijwel alle zoogdieren en bij veel vogels pseudotuberculose veroorzaken. Infecties bij de mens zijn relatief zeldzaam.

### 9.9.3 *Epidemiologische situatie*

In de periode 1991-2001 werd een gemiddelde incidentie van yersiniose in Nederland gerapporteerd van 1,2 gevallen per 100.000 inwoners per jaar. Dit komt overeen met 180 gevallen per jaar. Sinds 2001 is er geen zicht op het aantal patiënten met yersiniose in Nederland. Middels ISIS-AR kan zicht gehouden worden op het voorkomen. De data uit ISIS-AR suggereert een geleidelijke toename van het aantal patiënten met *Yersinia* spp. van 119 in 2016 tot 150 in 2019. In maart 2022 is een kiemsurveillance voor *Yersinia* opgestart, waarbij laboratoria in Nederland worden gevraagd om *Yersinia* stammen op te sturen naar het

RIVM voor typering middels whole-genome-sequencing (WGS). In 2022 zijn er in totaal 118 isolaten gesequenced, waarvan 17 (14%) clusteren met tenminste één ander isolaat. In totaal werden zeven clusters geïdentificeerd, waarvan zes uit twee isolaten bestonden en één uit vijf isolaten.

## 10 Andere meldingsplichtige ziekten

*Auteurs: Ingrid Friesema, Lola Tulen*

### 10.1 Buiktyfus en paratyfus A / B / C

#### 10.1.1 Hoofdpunten

- In 2022 werden 96 personen met buiktyfus gemeld. Hiervan waren 72 meldingen gerelateerd aan een uitbraak op een schip waar asielzoekers werden opgevangen.
- Paratyfus A, B en C werden respectievelijk voor zeven, 26 en geen patiënten gemeld.
- Een derde tot ongeveer de helft van de gemelde patiënten werd in het ziekenhuis opgenomen, maar niemand overleed aan de gevolgen van de infectie.
- Met uitzondering van de buiktyfus-uitbraak werden de meeste infecties in het buitenland, met name Azië, opgelopen.

#### 10.1.2 Achtergrond

Buiktyfus en paratyfus worden veroorzaakt door respectievelijk *Salmonella Typhi* en *Salmonella Paratyphi* en vallen samen onder de typhoidale *Salmonellae*. Tyfeuze ziekte kenmerkt zich voornamelijk door een algemene infectie met bacteriëmie, terwijl non-tyfeuze salmonellose meestal bestaat uit gastro-enteritis. De mens is het belangrijkste reservoir van *S. Typhi* en *S. Paratyphi*, waarbij mensen ook drager kunnen zijn. Besmetting gebeurt voornamelijk via voedsel of water. Symptomen van tyfeuze ziekte zijn onder andere koorts, hoofdpijn en spierpijn, daarnaast komt zowel diarree als obstipatie voor [55]. Later in de episode kunnen relatieve bradycardie en miltvergroting voorkomen. De meest voorkomende complicaties zijn darmbloedingen en darmperforaties. Buiktyfus wordt over het algemeen als ernstiger beschouwd dan paratyfus, maar dit geldt vooral voor paratyfus B en C [55]. Er bestaan vaccins tegen buiktyfus, hoewel deze niet 100% beschermen en maximaal drie jaar bescherming bieden [56]. Reizigers kunnen hiervoor terecht bij de GGD reizigersvaccinatie. In Nederland worden tegenwoordig zowel buiktyfus als paratyfus A, B en C vooral gezien bij reizigers die in met name Azië of Afrika zijn geweest [55, 56].

#### 10.1.3 Epidemiologische situatie

In 2022 was er een uitbraak van buiktyfus in Nederland, waardoor de aantallen hoog waren. Het aantal niet-uitbraak gerelateerde patiënten buiktyfus lag, evenals voor paratyfus A en B, weer op het niveau van de aantallen vóór de COVID19-pandemie (zie Tabellen 10.1.1-10.1.4 en Figuur 10.1.1). Er waren in 2022 geen meldingen van paratyfus C.

#### *Buiktyfus*

In 2022 werden 96 personen met buiktyfus gemeld ten opzichte van 6-28 meldingen per jaar in de periode 2018-2021. Dit hoge aantal is veroorzaakt door een uitbraak op een oud cruiseschip dat dienst deed als noodopvanglocatie voor asielzoekers. Op het betreffende schip verbleven ruim 100 asielzoekers. Tevens maakten nog eens 100 asielzoekers van een aangrenzend schip en circa 100 werknemers van

15 verschillende bedrijven gebruik van maaltijden en/of drinkwater op het eerstgenoemde schip. In totaal werden 72 uitbraakgerelateerde zieken gemeld, waaronder 52 asielzoekers (allen mannen) en 20 medewerkers (17 mannen), 25 zieken zijn in het ziekenhuis opgenomen. De drinkwatervoorziening is vrijwel zeker de bron van de besmetting geweest. Op het oude schip zat er slechts een enkelvoudige wand tussen de drinkwater- en de vuilwatertank. In deze scheidingswand bleken corrosiegaatjes te zitten. Op momenten van een (bijna) volle vuilwatertank kon vuil water naar de drinkwatertank lekken. In meerdere monsters uit de drinkwatertank is door het Streeklab Haarlem middels PCR *Salmonella* spp. aangetoond. Het is echter niet gelukt uit deze monsters *S. Typhi* op te kweken. Naast de uitbraak werden 24 zieken gemeld, wat wel vergelijkbaar is met voorgaande jaren, hiervan waren 22 infecties (92%) in het buitenland opgelopen. In voorgaande jaren was 83% en 93% van de infecties is in het buitenland opgelopen. De meeste personen worden in Azië geïnfecteerd (50-69%), maar besmettingen in Afrika (0-40%), Midden-Amerika (0-42%) en Europa (0-5%) komen ook voor. Op landenniveau werden in 2022 Mexico (n=7), India (n=6) en Pakistan (n=3) het vaakst gerapporteerd.

#### *Paratyfus A*

In 2022 werden, evenals in 2019, zeven personen met paratyfus A gemeld ten opzichte van 3-18 meldingen per jaar in de periode 2018-2021. In de afgelopen vijf jaar (2018-2022) werden meer mannen dan vrouwen gemeld en waren de patiënten voornamelijk in de leeftijd 18-39 jaar. Per jaar belandde 43%-67% met de infectie in het ziekenhuis en er zijn geen overlijdens gemeld. Tussen 67% en 100% van de infecties is in het buitenland opgelopen, waarbij dit in 0-57% van de gevallen om familiebezoek ging (gebaseerd op geboorteland van de patiënt en/of zijn/haar vader of moeder). De enige besmetting opgelopen in Afrika was Senegal. De overige besmettingen in het buitenland werden alle in Azië opgelopen. Het belangrijkste land is daarbij India (15/36). De buitenlandse besmettingen in Azië in 2022 waren opgelopen in India (n=3), Indonesië (n=2), Pakistan en Saoedi-Arabië.

#### *Paratyfus B*

In 2022 werden 26 personen met paratyfus B gemeld ten opzichte van 3-14 in 2020-2021 en 28-29 meldingen in 2018-2019. In de afgelopen vijf jaar (2018-2022) werden net iets meer mannen (n=55) dan vrouwen (n=45) gemeld en waren de patiënten voornamelijk in de leeftijd 18-39 jaar (52%), gevolgd door de kinderen (0-18 jaar; 23%). Per jaar belandde 14%-33% met de infectie in het ziekenhuis en er zijn geen overlijdens gemeld. Tussen 33% en 96% van de infecties is in het buitenland opgelopen, waarbij 2020 (33%) en 2021 (43%) beduidend lager zijn dan 2018-2019 (90%-96%); 2022 ligt daar tussenin met 62%. Het percentage van de besmettingen die tijdens familiebezoeken in het buitenland (gebaseerd op geboorteland van de patiënt en/of zijn/haar vader of moeder) is opgelopen, ligt voor paratyfus B tussen 0-50% van de gevallen. Azië is het meest genoemde continent met 50%-100% van de infecties, maar ook Zuid-Amerika (0-31%), Afrika (0-17%) en Europa (0-17%) worden genoemd. Indonesië (33/76) lijkt daarbij het belangrijkste land van besmetting, op afstand gevolgd door



Turkije (8/76), Argentinië en Thailand (beide 5/76). De buitenlandse besmettingen gemeld in 2022 waren opgelopen in Indonesië (n=7), Thailand (n=2), Argentinië, Bolivia, Chili, Colombia, Irak, Italië en Marokko.

#### *Paratyfus C*

Paratyfus C komt van de vier hier beschreven infectieziekten het minst voor. In 2022 waren er geen meldingen, ten opzichte van 0-5 meldingen per jaar in de periode 2018-2021. In de afgelopen vijf jaar (2018-2022) waren de patiënten voornamelijk in de leeftijd 18-39 jaar en werden drie van de acht patiënten in het ziekenhuis opgenomen. Drie van de acht personen hadden de infectie in het buitenland opgelopen, waarvan één tijdens familiebezoek (gebaseerd op geboorteland van de patiënt en/of zijn/haar vader of moeder).

#### 10.1.4 Tabellen en figuren

Tabel 10.1.1 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met buiktyfus, 2018-2022.

	2018	2019	2020	2021	2022
<b>Totaal</b>	<b>20</b>	<b>28</b>	<b>6</b>	<b>14</b>	<b>96</b>
Man	8 (40%)	19 (68%)	4 (67%)	11 (79%)	83 (86%)
Leeftijd, mediaan (spreiding)	32 (3-58)	25 (9-83)	28 (9-85)	33 (9-57)	30 (2-70)
Ziekenhuisopname	14 (74%)*	21 (75%)	6	10 (71%)	43 (45%)
Overleden	0	0	0	0	0
Uitbraak	0	0	0	0	72 (75%)
Buitenland	18 (90%)	26 (93%)	5 (83%)	12‡ (86%)	22 (92%)**
Familiebezoek†	10 (56%)	16 (62%)	4 (80%)	5 (42%)	12 (55%)
Afrika	4 (22%)	2 (8%)	2 (40%)	0	3 (14%)
Azië	12 (67%)	18 (69%)	3 (60%)	7 (58%)	11 (50%)
Midden-Amerika	2 (11%)	5 (19%)	0	5 (42%)	7 (32%)
Europa	0	0	0	0	1 (5%)
Onbekend	0	1 (4%)	0	0	0

\* Bij 1 melding was ziekenhuisopname onbekend.

† Bezochte land is gelijk aan geboorteland van patiënt/moeder/vader, voor zover bekend.

‡ Van de overige 2 meldingen was 1 mogelijk in Nederland/mogelijk in buitenland.

\*\* 22 van de 24 niet-uitbraakgerelateerde gevallen.

Tabel 10.1.2 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met paratyfus A, 2018-2022.

	2018	2019	2020	2021	2022
<b>Totaal</b>	<b>18</b>	<b>7</b>	<b>3</b>	<b>3</b>	<b>7</b>
Man	11 (61%)	3 (43%)	2 (67%)	2 (67%)	5 (71%)
Leeftijd, mediaan (spreiding)	33 (4-70)	33 (16-39)	31 (26-39)	34 (11-40)	41 (26-57)
Ziekenhuisopname	9 (50%)	4 (67%)*	2 (67%)	2 (67%)	3 (43%)
Overleden	0	0	0	0	0
Buitenland	17 (94%)	7	2 (67%)	3	7 (100%)
Familiebezoek†	9 (53%)	4 (57%)	0	0	3 (43%)
Afrika	0	0	0	1	0
Azië	17	7	2	2	7

\* Bij 1 melding was ziekenhuisopname onbekend.

† Bezochte land is gelijk aan geboorteland van patiënt/moeder/vader, voor zover bekend.

Tabel 10.1.3 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met paratyfus B, 2018-2022.

	2018	2019	2020	2021	2022
<b>Totaal</b>	<b>28</b>	<b>29</b>	<b>3</b>	<b>14</b>	<b>26</b>
Man	15 (54%)	12 (41%)	1 (33%)	12 (86%)	15 (58%)
Leeftijd, mediaan (spreiding)	24 (1-52)	28 (2-85)	46 (20-60)	26 (4-89)	25 (0-88)
Ziekenhuisopname	8 (30%)*	4 (14%)*	1 (33%)	4 (29%)	8 (31%)
Overleden	0	0	0	0	0
Buitenland	27 (96%)	26 (90%)	1 (33%)	6 (43%)	16 (62%)
Familiebezoek†	6 (22%)	3 (12%)	0	3 (50%)	2 (13%)
Afrika	2 (7%)	0	0	1 (17%)	1 (6%)
Azië	24 (89%)	18 (69%)	1	3 (50%)	10 (63%)
Europa	0	0	0	1 (17%)	1 (6%)
Zuid-Amerika	1 (4%)	8 (31%)	0	1 (17%)	4 (25%)

\* Bij 1 melding was ziekenhuisopname onbekend.

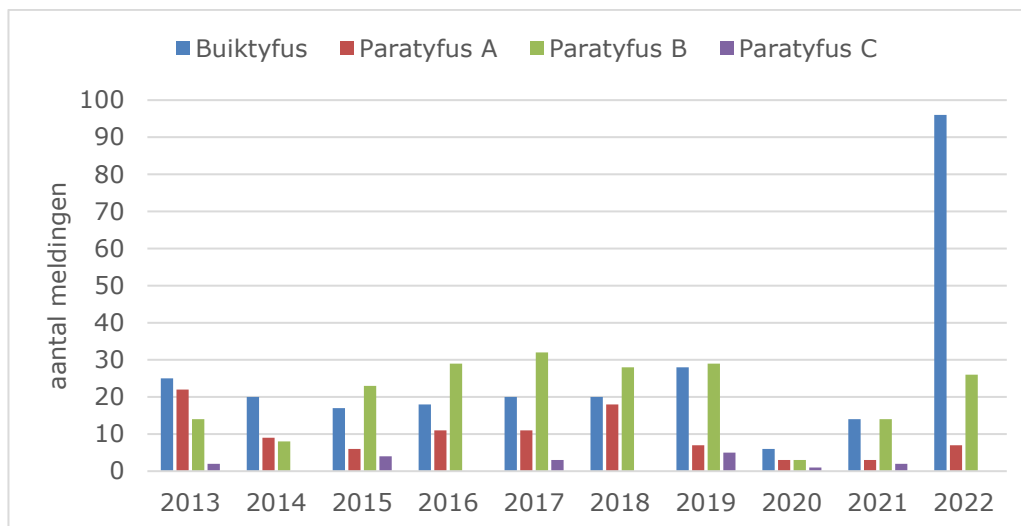
† Bezochte land is gelijk aan geboorteland van patiënt/moeder/vader, voor zover bekend.

Tabel 10.1.4 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met paratyfus C, 2018-2022.

	2018	2019	2020	2021	2022
<b>Totaal</b>	<b>0</b>	<b>5</b>	<b>1</b>	<b>2†</b>	<b>0</b>
Man		2	0	1	
Leeftijd:					
0-17 jr		0	0	1	
18-39 jr		4	1	1	
40-64 jr		0	0	0	
65+		1	0	0	
Ziekenhuisopname		2	1	0	
Overleden		0	0	0	
Buitenland		2	1	0	
Familiebezoek*		0	0		
Afrika		0	0		
Azië		2	0		
Midden-Amerika		0	0		
Onbekend		0	1		

\* Bezoekte land is gelijk aan geboorteland van patiënt/moeder/vader, voor zover bekend.

† Betref vermoedelijk 1 huishouden.



Figuur 10.1.1 Aantal gerapporteerde patiënten met buiktyfus, paratyfus A, paratyfus B en paratyfus C, 2013-2022.

## 10.2 Cholera

### 10.2.1 Hoofdpunten

- In 2022 zijn er drie gevallen van cholera gemeld.
- In de afgelopen tien jaar zijn in totaal 13 patiënten (0-3 per jaar) gemeld. De infecties waren opgelopen in Azië (n=6), Afrika (n=5) of Midden-Amerika (n=1).

### 10.2.2 Achtergrond

*Vibrio cholerae*, de verwekker van cholera, komt wereldwijd in oppervlaktewater, met name brak water, voor [57]. De bacterie hecht

zich aan plankton waarin het kan overleven en zich kan vermenigvuldigen. Schaaldieren en plankton vormen het reservoir van *V. cholerae*. Bij mensen vormt maagzuur een barrière. Bereiken de bacteriën levend de darm, dan vindt sterke vermeerdering van het aantal cholera bacteriën plaats, inclusief productie van cholera toxine. Besmetting vindt voornamelijk plaats via consumptie van besmet water of voedsel of via de feco-orale route.

De meeste mensen die door *Vibrio cholerae* zijn geïnfecteerd hebben geen symptomen of slechts milde diarree. In geval van symptomen, start dit in het algemeen abrupt met braken en diarree [57]. Het meest kenmerkende van cholera zijn de grote hoeveelheden ontlasting, die het meeste weg heeft van 'rijstwater', met als gevolg ernstige dehydratie. Tegenwoordig is cholera in Nederland een importziekte. In het verleden heeft cholera echter verschillende pandemieën veroorzaakt en was het tot begin van de 20<sup>ste</sup> eeuw nog endemisch in Nederland [58].

### 10.2.3 *Epidemiologische situatie*

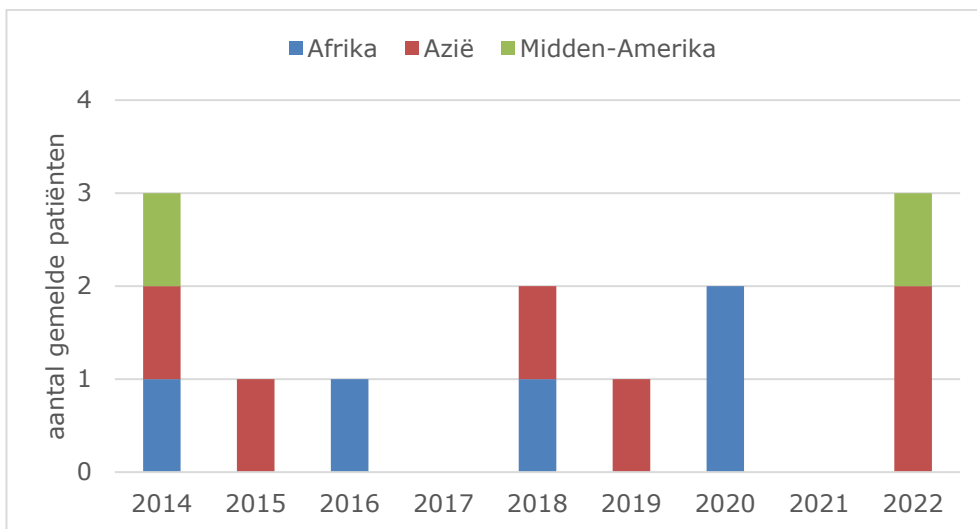
In 2022 zijn er twee meldingen van cholera geweest (Tabel 10.2.1). In de afgelopen tien jaar (2013-2022) zijn er in totaal 12 personen met cholera gemeld. De infectie was in alle gevallen in het buitenland opgelopen, voornamelijk Azië (n=6) en Afrika (n=5) (zie Figuur 10.2.1). In 2022 werden twee infecties in Azië (Abu Dhabi en Irak) opgelopen.

### 10.2.4 *Tabellen en figuren*

Tabel 10.2.1 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met cholera, 2018-2022.

	2018	2019	2020	2021	2022
<b>Totaal</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>3</b>
Man	1	1	1		2
0-17 jaar	0	0	0		0
18-39 jaar	0	0	2		0
40-64 jaar	2	0	0		2
65+	0	1	0		1
Ziekenhuisopname	0	1	2		2
Overleden	0	0	0		0
Buitenland	2	1	2		3
Afrika	1	0	2*		0
Azië	1	1	0		2

\* Betrof 1 huishouden.



*Figuur 10.2.1 Aantal gerapporteerde patiënten met cholera en de regio van infectie, 2014-2022.*



## 11 Andere virussen gemeld in de Virologische Weekstaten

*Auteurs: Roan Pijnacker, Harry Vennema, Eelco Franz*

### 11.1 Hoofdpunten

- Het rotavirusseizoen in 2022 startte een aantal maanden vroeger dan gebruikelijk, met een toename in oktober/november 2021 in plaats van februari/maart 2022. Deze toename zette door in 2022, wat resulteerde in een totaal van 1,391 rotavirus detecties. Dit was hoger dan het gemiddelde van 981 (spreiding 682-1,054 rotavirus detecties) in 2016-2019. Er werd geschat dat er 7,037 ziekenhuisopnames door rotavirus waren, waarvan 4,794 (68%) onder kinderen jonger dan 5 jaar. Dit is 33% hoger dan het gemiddelde aantal in 2016-2019 (n=3,555).
- In epidemiologisch jaar juli 2020 t/m juni 2021 werden 3,172 norovirus detecties gemeld. Hoewel het aantal norovirus detecties past bij wat er pre-COVID19 werd gezien, startte het seizoen enkele weken eerder dan gebruikelijk.
- In 2022 werden in totaal 128 HEV detecties gemeld, was past bij de jarenlange afname van het aantal HEV detecties.

### 11.2 Epidemiologische situatie rotavirus

Rotavirus is een ziekteverwekker die diarree en overgeven veroorzaakt. Vooral jonge kinderen zijn gevoelig voor een rotavirus-infectie en kunnen met uitdrogingsverschijnselen in het ziekenhuis belanden. Overlijden door rotavirus is zeldzaam. Rotavirus heeft een incubatieperiode van 1 tot 3 dagen en verspreid zich voornamelijk feco-oraal, maar ook indirect via bijvoorbeeld oppervlakken. Tegen rotavirus wordt in Nederland niet gevaccineerd. Mogelijk veranderd dit in de komende jaren, want de Gezondheidsraad bracht begin 2021 het advies uit om rotavirus deel uit te laten maken van het Rijksvaccinatieprogramma [59].

In 2021 bleef een duidelijke piek uit als gevolg van de COVID19 lockdown, maar nam het aantal rotavirus detecties sterk toe in oktober/november 2021. Dit was waarschijnlijk het gevolg van een toename van het aantal kinderen dat gevoelig is voor rotavirusinfectie door uit blijven een rotavirusseizoen in 2020. Deze toename zette door in 2022, met een hoger dan gebruikelijk aantal rotavirus detecties in januari en februari. In totaal werden er 1,391 rotavirus detecties gemeld in 2022, wat hoger was dan het gemiddelde van 981 (spreiding 682-1,054 rotavirus detecties) in 2016-2019. De piek van het rotavirusseizoen in maart was niet hoger dan gebruikelijk.

Het aantal ziekenhuisopnames voor rotavirus wordt elk jaar geschat op basis van specifieke diagnosecodes (ICD-10 codes A0, A09, K52 en K529) uit ziekenhuisdata. Omdat hier ook opnames onder vallen die niet veroorzaakt zijn door rotavirus, wordt hier een correctie op uitgevoerd. Dit wordt gedaan door een lineaire regressieanalyse tussen de ziekenhuisopnames met eerder genoemde diagnosecodes als uitkomstvariabele en het aantal rotavirus detecties en leeftijd als

onafhankelijke variabelen (ook wel predictors genoemd). Resulterende coëfficiënten worden vervolgens gebruikt om het aantal rotavirus ziekenhuisopnames te schatten op basis van het aantal rotavirus detecties in de Virologische Weekstaten. Data over ziekenhuisopnames door rotavirus zijn geschat op basis van ziekenhuisdata t/m 2020. In 2022 werden er 7,037 ziekenhuisopnames door rotavirus geschat, waarvan het merendeel onder kinderen jonger dan 5 jaar ( $n=4,794$ , 68%). Dit is 35% hoger dan het aantal opnames in 2017-2019, toen gemiddeld 3,555 ziekenhuisopnames door rotavirus (spreiding: 3,319 – 3,744) onder kinderen t/m 5 jaar werd geschat.

### **11.3 Epidemiologische situatie norovirus**

De meest voorkomende klachten van norovirus zijn misselijkheid, braken, hoofdpijn, buikpijn, diarree en milde koorts. Klachten beginnen meestal acuut na 12 tot 48 uur en verdwijnen vaak na 2 tot 3 dagen bij volwassenen en na ongeveer een week bij kinderen.

Omdat het norovirus seizoen zich voornamelijk afspeelt in de winter, wordt voor norovirus een epidemiologisch jaar gehanteerd dat is gedefinieerd als juli 2021 t/m juni 2022. In epidemiologisch jaar 2021/2022 werden 3,172 norovirus detecties gemeld, wat vergelijkbaar is met de vijf jaren vóór 2020/2021, toen gemiddeld 3,083 norovirus detecties (spreiding: 2,533-3,504) werden gemeld. Het norovirus seizoen begon echter wel enkele weken eerder dan gebruikelijk. Dit was waarschijnlijk het gevolg van een toename van individuen die gevoelig waren voor norovirus infecties door het uitblijven ervan in de winter ervoor door de COVID19 maatregelen. In epidemiologisch jaar 2020/2021 werden namelijk slechts 658 norovirus detecties gemeld.

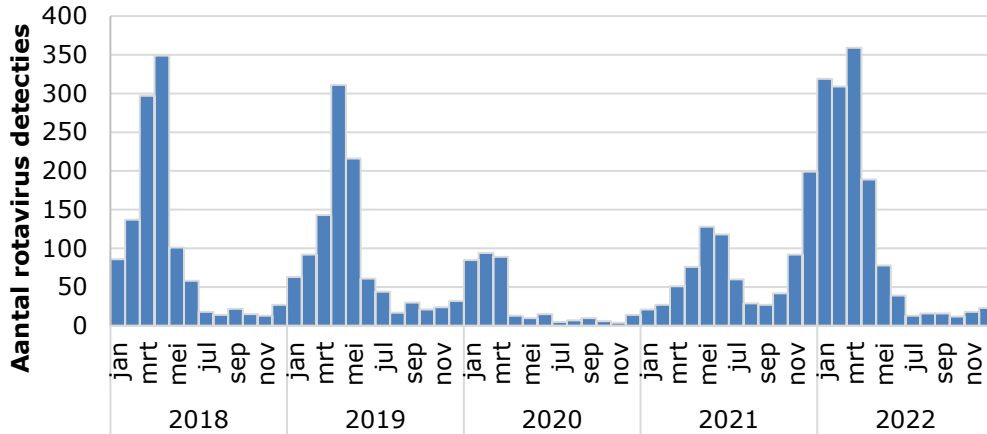
### **11.4 Hepatitis E virus**

De meerderheid van de Hepatitis E virus (HEV)-infecties in de algemene populatie verdwijnt zonder symptomen of gaat over als zelfbeperkende hepatitis. De meeste klinische HEV-infecties en ernstige ziekten worden waargenomen bij mannen van middelbare en oudere leeftijd, vaak gekarakteriseerd met onderliggend lijden. Immuun gecompromitteerde patiënten, zoals transplantatiepatiënten, hebben een risico op het ontwikkelen van een chronische hepatitis en lever cirrose.

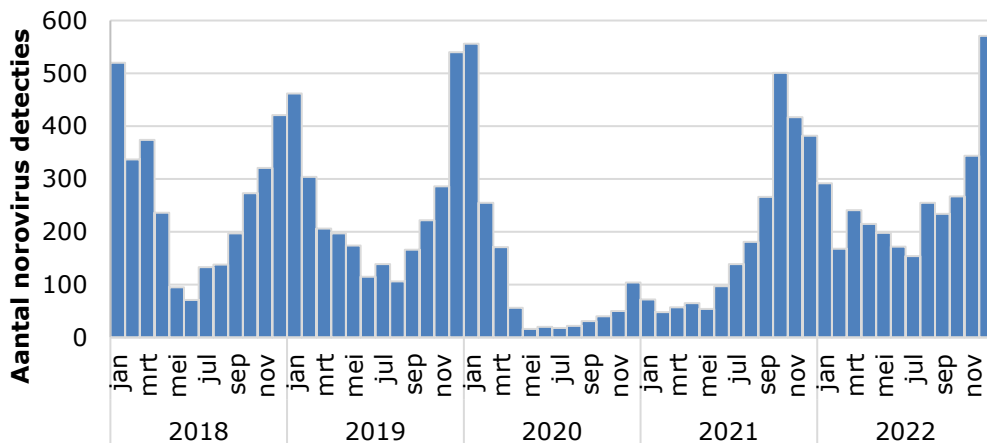
In 2022 werden in totaal 128 HEV detecties gemeld, was past bij de jarenlange afname van het aantal HEV detecties. Na een sterke toename van het aantal HEV detecties in 2014, van 67 detecties in 2013 naar 205 in 2014, werden twee "piekjaren" 2015 en 2016 gezien, met rond de 300 detecties. De drie jaren erna, 2017-2019, werden rond de 200 HEV detecties gemeld. In 2020 en 2021 werden opnieuw minder detecties gemeld, hoewel dat te maken zou kunnen hebben met de COVID19 lockdown. Naar aanleiding van de toename van het aantal HEV detecties in 2014, wat ook gezien werd in bloeddonoren [60], is in 2017 screening van bloeddonoren op HEV ingevoerd door Sanquin.



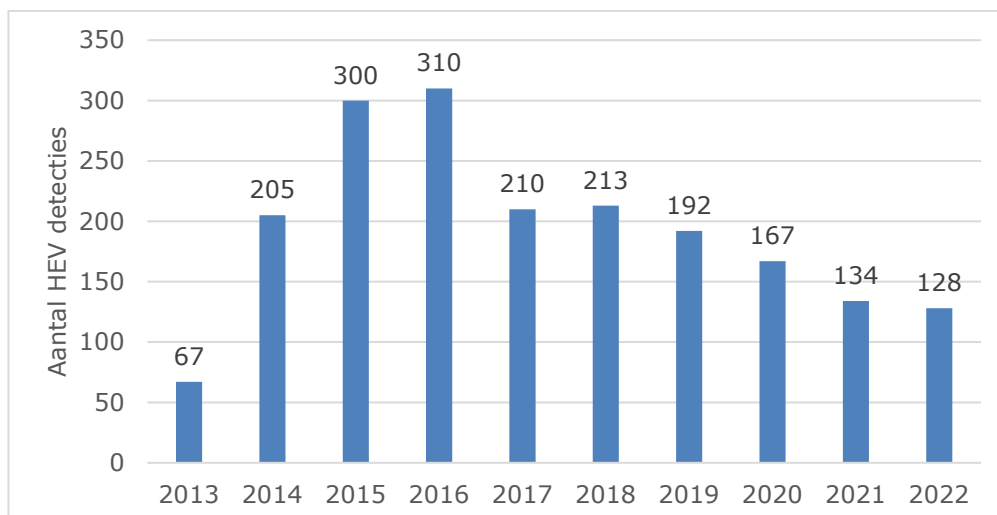
### 11.5 Tabellen en figuren



Figuur 11.1 Aantal gemelde rotavirus detecties in de Virologische Weekstaten naar jaar en maand, 2018-2022.



Figuur 11.2 Aantal gemelde norovirus detecties in de Virologische Weekstaten naar jaar en maand, 2018-2022.



Figuur 11.3 Aantal gemelde hepatitis E (HEV) detecties in de Virologische Weekstaten per jaar, 2013-2022.



## 12 Algemene discussie en conclusies

Dit rapport geeft een overzicht van de epidemiologische situatie van enterale en zoönotische infecties in Nederland gedurende 2021. Dit omvat een divers scala aan ziekteverwekkers die voornamelijk via verschillende transmissieroutes (voedsel, milieu, dier, mens) door ingestie ziekte bij de mens kunnen veroorzaken. Dit rapport is exclusief respiratoire zoönotische infecties en vector-overdraagbare infecties.

### 12.1 Trends

Over het algemeen was de incidentie van enterale infecties die voornamelijk via voedsel worden overgedragen in 2022 hoger dan gedurende de COVID19 pandemie jaren 2020 en 2021. De incidentie van campylobacteriose en salmonellose zijn echter nog niet op het niveau van voor de pandemie. Dit geldt niet voor STEC: na een dip in 2020 was de incidentie in 2021 reeds terug op het niveau van voor de pandemie en 2022 laat de hoogste incidentie zien sinds 2016. Het aantal reis-gerelateerde STEC gevallen was in 2022 gelijk aan 2018/2019. De oorzaak voor de toename in binnenlands opgelopen gevallen is onduidelijk. Ook de incidentie van listeriose, welke gedurende de pandemie opvallend genoeg als een van de weinige infectieziekten niet gedaald was, lag in 2022 iets boven het niveau van 2016-2019.

Het rotavirus- en norovirusseizoen 2021/2022 startte resp. een aantal maanden en weken vroeger dan gebruikelijk. Dit is waarschijnlijk het gevolg van een toename in het aantal gevoelige personen na het opheffen van de COVID19 restricties. Het totaal aantal rotavirus gevallen was beduidend hoger in 2022 dan in 2016-2019, terwijl het totaal aantal norovirus gevallen zich in 2022 op hetzelfde niveau bevindt als voor de pandemie.

### 12.2 Clusters en uitbraken

De meest opvallend uitbraak in 2022 betrof een uitbraak met 72 gevallen van buiktyfus (*Salmonella* Typhi) op een schip waar asielzoekers werden opgevangen. De drinkwatervoorziening is vrijwel zeker de bron van de besmetting geweest. Daarnaast was er een grote shigellose uitbraak gerelateerd aan reizen naar Kaapverdië die zich voortzette in 2023.

Cluster- en uitbraakdetectie van surveillance van bacteriële voedselinfecties is sinds 2021 vrijwel geheel gebaseerd op whole-genome-sequencing (WGS), al dan niet aangevuld met informatie uit de meldplicht. WGS-gebaseerde surveillance leidt, door het hoge onderscheidend vermogen, tot een hoger aantal geïdentificeerde clusters dan met de oude typeringstechnieken (83 campylobacteriose clusters, 71 salmonellose clusters, 15 STEC-infectie clusters, 27 listeriose clusters, 22 shigellose clusters, en zeven yersiniose clusters). Niet naar alle clusters wordt uitbraakonderzoek gedaan. Dit hangt af van het aantal cases, het potentieel succes van vragenlijstonderzoek, en de timing van de cases waarbij er alleen actie wordt ondernomen bij een actief cluster. Actief uitbraakonderzoek in 2022 werd uitgevoerd naar

een cluster van campylobacteriose, een buiktyfus uitbraak, drie salmonellose clusters, twee STEC clusters, zeven listeriose clusters en één shigellose uitbraak. De daadwerkelijke omvang van clusters en uitbraken is meestal vele malen hoger dan het aantal gerapporteerde gevallen door verschillende vormen van onderrapportage (bv. voor *Salmonella* ligt het daadwerkelijke aantal naar schatting een factor 20-25 hoger).

Het RIVM-CIb is per 2023 aangewezen als nationaal referentielaboratorium bacteriële voedselinfecties waarmee het RIVM-CIb fungeert als diagnostisch, epidemiologisch en wetenschappelijk expertisecentrum op dit gebied. De afgelopen jaren is sterk ingezet op het breed implementeren van WGS als standaard typeringsmethode. Bij *Listeria*, *Salmonella* en STEC trekt het RIVM op met WFSR/NVWA door de WGS-data zo real-time mogelijk met elkaar te delen in een gedeelde database. Met name bij *Listeria*, en af toe bij *Salmonella*, leidt dit tot de een sterke toename in identificatie van bronnen van clusters. De uitdaging voor de komende jaren is om de landelijke surveillance nog meer in een One Health geïntegreerde context uit te voeren met partners uit het voedsel- en veterinaire domein. Hier wordt o.a. werk van gemaakt binnen het Nationaal Actieplan Zoönosen en de EU-gefinancierde Joint Action Integrated Surveillance ([www.united4surveillance.eu](http://www.united4surveillance.eu)).

## Referenties

1. Friesema, I.H.M., et al., *Registratie voedselgerelateerde uitbraken in Nederland, 2021*. 2022, RIVM: Bilthoven.
2. Benincà, E., et al., *Disease burden of food-related pathogens in the Netherlands, 2021*. 2022, RIVM: Bilthoven.
3. Mughini-Gras, L., et al., *Sources and transmission routes of campylobacteriosis: A combined analysis of genome and exposure data*. *J Infect*, 2021. **82**(2): p. 216-226.
4. Bouwknecht, 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).
5. Pijnacker, R., et al., *Trends van shigellosemeldingen in Nederland, 1988-2015*. *Infectieziekten bulletin*, 2017. **28**(4): p. 8.
6. Kotloff, K.L., et al., *Shigellosis*. *Lancet*, 2018. **391**(10122): p. 801-812.
7. DuPont, H.L., et al., *Inoculum size in shigellosis and implications for expected mode of transmission*. *J Infect Dis*, 1989. **159**(6): p. 1126-8.
8. European Centre for Disease Prevention and Control, *Increase in extensively-drug resistant Shigella sonnei infections in men who have sex with men in the EU/EEA and the UK – 23 February 2022*. 2022, ECDC: Stockholm.
9. European Centre for Disease Prevention and Control, *Outbreak of Shigella sonnei in the EU/EEA, the United Kingdom, and the United States among travellers returning from Cabo Verde*. 2023, ECDC: Stockholm.
10. 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.
11. Friesema, I.H., et al., *Geographical association between livestock density and human Shiga toxin-producing Escherichia coli O157 infections*. *Epidemiol Infect*, 2011. **139**(7): p. 1081-1087.
12. Smith, J.L., P.M. Fratamico, and N.W. Gunther, *Shiga Toxin-Producing Escherichia coli*. *Adv Appl Microbiol*, 2014. **86**: p. 145-97.
13. Friesema, I.H.M., et al., *Surveillance van Shiga toxine-producerende Escherichia coli (STEC) in Nederland, 2016*. *Infectieziekten Bulletin*, 2017. **28**(7): p. 228-235.
14. Ranasinghe, R.A.S.S., et al., *Persistence of Listeria monocytogenes in food commodities: foodborne pathogenesis, virulence factors, and implications for public health*. *Food Research*, 2021. **5**(1): p. 1-19.
15. Filipello, V., et al., *Attribution of Listeria monocytogenes human infections to food and animal sources in Northern Italy*. *Food Microbiol*, 2020. **89**: p. 103433.
16. Schlech, W.F., *Epidemiology and Clinical Manifestations of Listeria monocytogenes Infection*. *Microbiol Spectr*, 2019. **7**(3).

17. Maertens de Noordhout, C., et al., *The global burden of listeriosis: a systematic review and meta-analysis*. *Lancet Infect Dis*, 2014. **14**(11): p. 1073-1082.
18. Chlebicz, A. and K. Slizewska, *Campylobacteriosis, Salmonellosis, Yersiniosis, and Listeriosis as Zoonotic Foodborne Diseases: A Review*. *Int J Environ Res Public Health*, 2018. **15**(5).
19. Ruppitsch, W., et al., *Defining and Evaluating a Core Genome Multilocus Sequence Typing Scheme for Whole-Genome Sequence-Based Typing of Listeria monocytogenes*. *J Clin Microbiol*, 2015. **53**(9): p. 2869-76.
20. Shin, E.C. and S.H. Jeong, *Natural History, Clinical Manifestations, and Pathogenesis of Hepatitis A*. *Cold Spring Harb Perspect Med*, 2018. **8**(9).
21. European Centre for Disease Prevention and Control. *Epidemiological update: hepatitis A outbreak in the EU/EEA mostly affecting men who have sex with men*. 2018 12 September 2018 1 May 2019]; Available from: <https://ecdc.europa.eu/en/news-events/epidemiological-update-hepatitis-outbreak-eueea-mostly-affecting-men-who-have-sex-men-2>.
22. Friesema, I.H.M., et al., *Spillover of a hepatitis A outbreak among men who have sex with men (MSM) to the general population, the Netherlands, 2017*. *Euro Surveill*, 2018. **23**(23): p. pii=1800265.
23. LCI-RIVM. *Richtlijn Botulisme*. 2019 [cited 2021; Available from: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/botulisme>].
24. de Boer, M.G., et al., *[Disease outbreak of botulism food poisoning on a mini cruise]*. *Ned Tijdschr Geneesk*, 2009. **153**(16): p. 760-4.
25. Hintaran, A.D., et al., *Botulisme bij een Poolse arbeider in Zeist*. *Tijdschr Infectieziekten*, 2017. **12**(3): p. 84-87.
26. Swaan, C.M., I.M. van Ouwkerk, and H.J. Roest, *Cluster of botulism among Dutch tourists in Turkey, June 2008*. *Euro Surveill*, 2010. **15**(14).
27. LCI-RIVM. *Richtlijn Brucellose 2007*. Available from: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/brucellose>.
28. LCI-RIVM. *Richtlijn Anthrax*. 2002 [cited 2021].
29. CDC. *History of Anthrax*. 2020 [cited 2022; Available from: <http://www.cdc.gov/anthrax/history/index.html>].
30. EU Animal Disease Notification System ADNS. 2022 [cited 2023; Available from: [https://food.ec.europa.eu/system/files/2023-01/ad\\_adns\\_overview\\_2022.pdf](https://food.ec.europa.eu/system/files/2023-01/ad_adns_overview_2022.pdf)].
31. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM). *LCI richtlijn Hantavirusinfectie*. Available from: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/hantavirusinfectie>.
32. Swanink, C., et al., *Autochthonous Human Case of Seoul Virus Infection, the Netherlands*. *Emerg Infect Dis*, 2018. **24**(12): p. 2158-2163.
33. Vlaanderen, F., et al., *Staat van Zoönosen 2019*. 2020, Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM): Bilthoven.
34. 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.

35. Pozio, E., *World distribution of Trichinella spp. infections in animals and humans*. Vet Parasitol, 2007. **149**(1-2): p. 3-21.
36. Jovic, S., et al., *Infectivity of Trichinella spiralis larvae in pork buried in the ground*. Parasite, 2001. **8**(2 Suppl): p. S213-5.
37. 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.
38. Pozio, E., *The broad spectrum of Trichinella hosts: from cold- to warm-blooded animals*. Vet Parasitol, 2005. **132**(1-2): p. 3-11.
39. LCI-RIVM. *Richtlijn Trichinellose*. 2010; Available from: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/trichinellose>.
40. Messiaen, P., et al., *Outbreak of trichinellosis related to eating imported wild boar meat, Belgium, 2014*. Euro Surveill, 2016. **21**(37).
41. Barruet, R., et al., *A common source for a trichinellosis outbreak reported in France and Serbia in 2017*. Euro Surveill, 2020. **25**(24).
42. Pavic, S., et al., *Trichinella britovi outbreak: Epidemiological, clinical, and biological features*. Med Mal Infect, 2020. **50**(6): p. 520-524.
43. Stroffolini, G., et al., *Trichinella britovi outbreak in Piedmont, North-West Italy, 2019-2020: Clinical and epidemiological insights in the one health perspective*. Travel Med Infect Dis, 2022. **47**: p. 102308.
44. Gomez-Morales, M.A., et al., *Second outbreak of Trichinella pseudospiralis in Europe: clinical patterns, epidemiological investigation and identification of the etiological agent based on the western blot patterns of the patients' serum*. Zoonoses Public Health, 2021. **68**(1): p. 29-37.
45. Rijks, J.M., et al., *Tularemia Transmission to Humans, the Netherlands, 2011-2021*. Emerg Infect Dis, 2022. **28**(4): p. 883-885.
46. Koene, M., et al., *Phylogeographic Distribution of Human and Hare Francisella Tularensis Subsp. Holarctica Strains in the Netherlands and Its Pathology in European Brown Hares (Lepus Europaeus)*. Front Cell Infect Microbiol, 2019. **9**: p. 11.
47. Hampson, K., et al., *Estimating the global burden of endemic canine rabies*. PLoS Negl Trop Dis, 2015. **9**(4): p. e0003709.
48. Bourhy, H., B. Kissi, and N. Tordo, *Molecular diversity of the Lyssavirus genus*. Virology, 1993. **194**(1): p. 70-81.
49. Dimmendaal, M., et al., *Een patiënt met rabiës in public health perspectief*. Infectieziekten Bulletin, 2019. **30**(2).
50. Van Rijckevorsel, G., et al., *Rabid puppy-dog imported into the Netherlands from Morocco via Spain, February 2012*. Eurosurveillance, 2012. **17**(10): p. 20112.
51. LCI-RIVM. *Richtlijn Rabiës*. 2016; Available from: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/rabies>.
52. Nederland, V. *Vleermuis.net*. zonder datum; Available from: <https://www.vleermuis.net/>.
53. World Organisation for Animal Health. *Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals 2022*. 2022 [cited 2022; Available from: <https://www.woah.org/en/what-we-do/standards/codes-and-manuals/terrestrial-manual-online-access/>.

54. World Health Organization (WHO), *Rabies vaccines: WHO position paper - April 2018*. Weekly epidemiological record, 2018. **93**(16): p. 201-220.
55. Manesh, A., et al., *Typhoid and paratyphoid fever: a clinical seminar*. J Travel Med, 2021. **28**(3).
56. Masuet-Aumatell, C. and J. Atouguia, *Typhoid fever infection - Antibiotic resistance and vaccination strategies: A narrative review*. Travel Med Infect Dis, 2021. **40**: p. 101946.
57. Sack, D.A., et al., *Cholera*. Lancet, 2004. **363**(9404): p. 223-33.
58. LCI-RIVM. *Richtlijn Cholera*. 2019 [cited 2021; Available from: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/cholera>].
59. Gezondheidsraad, *Vaccinatie tegen rotavirus 2021*. 2021, Gezondheidsraad 2021; publicatienr. 2021/31.: Den Haag.
60. Zaaier, H.L., *No artifact, hepatitis E is emerging*. Hepatology, 2015. **62**(2): p. 654.



## Dankwoord

Dit rapport is grotendeels tot stand gekomen door analyse van surveillancedata waaraan vele organisaties, laboratoria en individuen een bijdrage hebben geleverd.

- De **Medisch Microbiologische Laboratoria** (MMLs) die participeren in nationale surveillance-activiteiten betreffende enterale intestinale infecties, inclusief de virologische laboratoriumsurveillance (virologische weekstaten) i.s.m. de Nederlandse **Werkgroep Klinische Virologie (NVMM)**
- **Artsen en GGD'en** die de OSIRIS meldingen hebben verzorgd
- **GGD Amsterdam** (Alje van Dam, Lian Bovee)
- **Diergeneeskunde-Universiteit Utrecht** (Els Broens, Jolianne Rijks, Marloes van Dijk)
- **Leptospirose referentie laboratorium- Amsterdam UMC** (Marga Goris)
- **Nationaal Referentie Laboratorium Bacteriële Meningitis (NRLBM)-Amsterdam UMC** (Nina M. van Sorge, Wieke Freudenburg-de Graaf)
- **Nederlandse Voedsel- en Waren Autoriteit (NVWA)** (Ben Wit, Harry Rozendaal, Ife Slegers-Fitz-James, Ingrid Keur, Marcel Spierenburg, Paul in 't Veld, Vanessa Visser)
- **Onze Lieve Vrouwe Gasthuis (OLVG)** (David Kwa)
- **Wageningen Bioveterinary Research (WBVR)** (Kees Veldman, Marloes Heijne, Miriam Koene, Phaedra Eble)
- **Wageningen Food Safety Research (WFSR)** (Bart Wullings, Greetje Castelijm, Ingeborg Boxman, Menno van der Voort, Tijs van den Bosch)
- **RIVM:** Anjo Verbruggen, Daan Notermans, Elisa Benincà, Frans Reubsat, Frits Franssen, Hans van den Kerkhof, Harry Vennema, Ingmar Janse, Johan Reimerink, Joke van der Giessen, Kim van der Zwaluw, Maaïke de Vries, Marieke Hoogerwerf, Miriam Maas, Oda van den Berg, Titia Kortbeek



## Bijlage Publicaties 2022-2023

Onderstaande is een lijst wetenschappelijke publicaties en rapporten van RIVM-CIb afdelingen GEZ (Epidemiologie en surveillance gastro-enterale infecties en zoönosen) en BPD (Bacteriologische en parasitaire diagnostiek) in 2022-2023.

### Rapporten

- Registratie voedselgerelateerde uitbraken in Nederland, 2021. Friesema IHM, Slegers-Fitz-James IA, Wit B, Boxman ILA, Franz E. 2022. <https://www.rivm.nl/bibliotheek/rapporten/2022-0096.pdf>

### Artikelen

- Bruning, A., van den Beld, M., Laverge, J., Welkers, M., Kuil, S., Bruisten, S., van Dam, A., Stam, A. (2023). Reptile-associated Salmonella urinary tract infection: a case report. *Diagn Microbiol Infect Dis*. 105:115889  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36758251/>
- Chanamé Pinedo, L., E. Franz, M. van den Beld, N. Van Goethem, W. Mattheus, K. Veldman, T. Bosch, L. Mughini-Gras and R. Pijnacker (2022). Changing epidemiology of Salmonella Enteritidis human infections in the Netherlands and Belgium, 2006 to 2019: a registry-based population study. *Euro Surveill* 27(38).  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36148675/>
- Chanamé Pinedo, L., Mughini-Gras, L., Franz, E., Hald, T., Pires, S.M. Sources and trends of human salmonellosis in Europe, 2015–2019: An analysis of outbreak data (2022). *International Journal of Food Microbiology*, 2022, 379, 109850.  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35961158/>
- Claudia E. Coipan, Ingrid H. Friesema, Maaïke J.C. van den Beld, Thijs Bosch, Sabine Schlager, Menno van der Voort, Christina Frank, Christina Lang, Angelika Fruth, and Eelco Franz. Sporadic Occurrence of Enterotoxigenic Shiga Toxin-Producing Escherichia coli O104:H4 Similar to 2011 Outbreak Strain (2022). *Emerg Infect Dis*. 2022 Sep; 28(9): 1890–1894.  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35997633/>
- Coipan, C. E., Friesema, I. H. M., van Hoek, A., van den Bosch, T., van den Beld, M., Kuiling, S., Gras, L. M., Bergval, I., Bosch, T., Wullings, B., van der Voort, M., Franz, E. (2023). "New insights into the epidemiology of Listeria monocytogenes - A cross-sectoral retrospective genomic analysis in the Netherlands (2010-2020)." *Front Microbiol* **14**: 1147137.  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/37089559>
- de Vries MC, Hoeve-Bakker BJA, van den Beld MJC, Hendriks ACA, Harpal ASD, Noomen RCEA, Reubsæet FAG. (2023). Identification of Francisella tularensis subspecies in a clinical setting using MALDI-TOF MS: an in-house Francisella library and biomarkers. *Microorganisms* 11:905  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37110328/>

- Quinten R Ducarmon, Romy D Zwitterink, Roel P J Willems, Aswin Verhoeven, Sam Nooij, Fiona R M van der Klis, Eelco Franz, Jolanda Kool, Martin Giera, Christina M J E Vandenbroucke-Grauls, Susana Fuentes, Ed J Kuijper. Gut colonisation by extended-spectrum  $\beta$ -lactamase-producing *Escherichia coli* and its association with the gut microbiome and metabolome in Dutch adults: a matched case-control study. *Lancet Microbe* 2022 Jun;3(6):e443-e451. doi: 10.1016/S2666-5247(22)00037-4. Epub 2022 Apr 20
- Friesema, I.H.M., Slegers-Fitz-James, I.A., Wit, B., Franz, E. Surveillance and characteristics of food-borne outbreaks in the Netherlands, 2006 to 2019 (2022) *Eurosurveillance*, 27 (3), art. no. 2100071.  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35057901/>
- Solveig Jore, Uffe Christian Braae, Frederik Trier Møller, Ingrid Friesema, Karthik Paranthaman, Katri Jalava, Nathalie Jourdan-DaSilva, Emma Löf, Moa Rehn, and Steen Ethelberg. A common framework for using and reporting consumer purchase data (CPD) in foodborne outbreak investigations in Europe. *Infect Ecol Epidemiol.* 2022; 12(1): 2007828.  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34880966/>
- Larkin, L., M. Pardos de la Gandara, A. Hoban, C. Pulford, N. Jourdan-Da Silva, H. de Valk, L. Browning, G. Falkenhorst, S. Simon, R. Lachmann, R. Dryselius, N. Karamehmedovic, S. Börjesson, D. van Cauteren, V. Laisnez, W. Mattheus, R. Pijnacker, M. van den Beld, J. Mossong, C. Ragimbeau, A. Vergison, L. Thorstensen Brandal, H. Lange, P. Garvey, C. S. Nielsen, S. Herrera León, C. Varela, M. Chattaway, F. X. Weill, D. Brown and P. McKeown (2022). Investigation of an international outbreak of multidrug-resistant monophasic *Salmonella* Typhimurium associated with chocolate products, EU/EEA and United Kingdom, February to April 2022. *Euro Surveill* 27(15).  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35426359/>
- McDonald, S. A., G. R. Lagerweij, P. de Boer, H. E. de Melker, R. Pijnacker, L. Mughini Gras, M. E. Kretzschmar, G. den Hartog, A. B. van Gageldonk-Lafeber, F. S. van den and J. Wallinga (2022). The estimated disease burden of acute COVID19 in the Netherlands in 2020, in disability-adjusted life-years. *Eur J Epidemiol* 37(10): 1035-1047.  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35951278/>
- Pijnacker, R., M. van den Beld, K. van der Zwaluw, A. Verbruggen, C. Coipan, A. H. Segura, L. Mughini-Gras, E. Franz and T. Bosch (2022). Comparing Multiple Locus Variable-Number Tandem Repeat Analyses with Whole-Genome Sequencing as Typing Method for *Salmonella* Enteritidis Surveillance in The Netherlands, January 2019 to March 2020. *Microbiol Spectr* 10(5): e0137522. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36121225/>

- Romaní Vidal, A., A. Vaughan, F. Innocenti, S. Colombe, L. Nerlander, N. Rachwal, B. C. Ciancio, A. Mougkou, C. Carvalho, E. Delgado, P. Mook, G. de Muylder, M. Peeters, T. Tenev, E. Golkocheva-Markova, V. Vorobieva Solholm Jensen, A. Koch, J. Figoni, C. Brouard, G. Nikolopoulou, A. Zisouli, N. Murphy, A. Broderick, L. Goldberg, R. Rich, L. Hecht Sagie, M. E. Tosti, B. Suligoj, R. Joosten, R. Pijnacker, I. Fjeldheim, E. Heen, M. Stępień, P. Polański, R. Tato Marinho, J. Vieira Martins, C. Varela, A. Avellón, E. Andersson, M. Jansson Mörk, S. Mandal, C. Watson, L. Coughlan, M. Chand, C. Neill, D. T. Bradley, K. Li, M. O'Leary, N. McInnes, C. J. Williams, C. Moore, A. Gjini, E. Duffell and R. Pebody (2022). Hepatitis of unknown aetiology in children - epidemiological overview of cases reported in Europe, 1 January to 16 June 2022. *Euro Surveill* 27(31).  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35929429/>
- Severi, E., L. Georgalis, R. Pijnacker, L. Veneti, I. A. Turiac, F. Chiesa, C. Rizzo, D. Martinelli, L. Vold, B. G. Herrador, C. V. Martinez, E. V. M. Sanchez, J. C. Semenza, P. Lopalco, L. A. Dahlström and J. Giesecke (2022). Severity of the clinical presentation of hepatitis A in five European countries from 1995 to 2014. *Int J Infect Dis* 118: 34-43.  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35134558/>
- Shetty, Sudarshan A.; Stege, Paul B.; Hordijk, Joost; Gijsbers, Esther; Dierikx, Cindy M.; Van Duijkeren, Engeline; Franz, Eelco; Willems, Rob J.L.; Paganelli, Fernanda L. 2022. Species-Specific Patterns of Gut Metabolic Modules in Dutch Individuals with Different Dietary Habits. 2022. *mSphere* vol. 7(6).
- Paul B. Stege, Joost Hordijk, Sudarshan A. Shetty, Michael Visser, Marco C. Viveen, Malbert R. C. Rogers, Esther Gijsbers, Cindy M. Dierikx, Rozemarijn Q. J. van der Plaats, Engeline van Duijkeren, Eelco Franz, Rob J. L. Willems, Susana Fuentes, and Fernanda L. Paganelli. Impact of long-term dietary habits on the human gut resistome in the Dutch population. *Sci Rep.* 2022; 12: 1892.
- van den Beld, M., Pijnacker, R., van Dam, A., Bovée L., Kwa, D., Linde, I., Wolthuis, R., Notermans, D. Bosch, T., Franz, E. (2023). Whole-genome sequencing of *Shigella* for surveillance purposes shows (inter)national relatedness and multidrug resistance in isolates from men who have sex with men. *Microb Genom* 9: 000978  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37022322/>
- van den Beld MJC, Rossen JWA, Evers N, Kooistra-Smid MAMD, Reubsat FAG. (2022). MALDI-TOF MS using a custom-made database, biomarker assignment, or mathematical classifiers does not differentiate *Shigella* spp. and *Escherichia coli*. *Microorganisms* 10:435  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35208889/>
- Daphne M. van Elstrand, Janneke W. Duijster, Jilei Zhang, Virginie Stévenin, Yongguo Zhang, Lang Zha, Yinglin Xia, Eelco Franz, Jun Sun, Lapo Mughini-Gras, and Jacques Neefjes. Repetitive non-typhoidal *Salmonella* exposure is an environmental risk factor for colon cancer and tumor growth. *Cell Rep Med* 2022 Dec 20;3(12):100852. doi: 10.1016/j.xcrm.2022.100852

Dit is een uitgave van:

**Rijksinstituut voor Volksgezondheid  
en Milieu**

Postbus 1 | 3720 BA Bilthoven

Nederland

[www.rivm.nl](http://www.rivm.nl)

september 2023

De zorg voor morgen  
begint vandaag