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

Voedselgerelateerde en overige enterale infecties in Nederland

Jaarrapportage 2024

RIVM-rapport 2025-0098
I. Friesema et al.

Voedselgerelateerde en overige enterale infecties in Nederland

Jaarrapportage 2024

RIVM-rapport 2025-0098

Colofon

© RIVM 2025
Delen uit deze publicatie mogen worden overgenomen op voorwaarde van bronvermelding: Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM), de titel van de publicatie en het jaar van uitgave.

DOI 10.21945/RIVM-2025-0098

I. Friesema (auteur), RIVM
E. Benincà (auteur), RIVM
R. Pijnacker (auteur), RIVM
L. Tulen (auteur), RIVM
O. van den Berg (auteur), RIVM
D. Adriaansens (auteur), RIVM
A. Meijs (auteur), RIVM
J. Bos (auteur), RIVM
I. Slegers–Fitz-James (auteur), NVWA
B. Wit (auteur), NVWA
I. Boxman (auteur), WFSR
M. Lanzl (auteur), RIVM
M. van den Beld (auteur), RIVM
L. Mughini Gras (auteur), RIVM
E. Franz (auteur), RIVM

Contact:
Eelco Franz
Centrum Infectieziektebestrijding
Eelco.franz@rivm.nl

Dit onderzoek werd verricht in opdracht van het ministerie van Volksgezondheid en Sport in het kader van surveillance van gastro-enteritis en voedselgerelateerde infecties

Dit is een uitgave van:
Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu
Postbus 1 | 3720 BA Bilthoven
Nederland
www.rivm.nl

Publiekssamenvatting

Voedselgerelateerde en overige enterale infecties in Nederland

Jaarrapportage 2024

Mensen kunnen ziek worden als ze voedsel eten dat besmet is met verschillende bacteriën, virussen of parasieten. Ook via andere routes kunnen ze er ziek van worden, zoals door contact van mens-op-mens of via dieren. Meestal krijgen mensen daarvan maag-darmklachten, zoals overgeven, buikpijn en/of (bloederige) diarree. In sommige gevallen kunnen de klachten ernstig zijn, zoals hepatitis, bloedvergiftiging of hersenvliesontsteking.

Net als in 2023 werden mensen in 2024 vaker ziek door *Salmonella* Enteritidis dan in de jaren 2015-2019. Deze bacterie kwam ook vaker voor bij leghennen in Nederland. Daarnaast zijn meer mensen ziek geworden van Shiga toxine-producerende *E. coli* (STEC) -bacterie, hepatitis A-virus en norovirus. De toename in het aantal norovirus-infecties komt mogelijk doordat mensen vooral ziek werden van een genotype dat tot voor kort minder vaak voorkwam. Waarschijnlijk hebben mensen er daardoor minder afweer tegen opgebouwd.

In totaal liepen in Nederland in 2024 naar schatting bijna 2 miljoen mensen een infectie op met een voedsel-gerelateerde ziekteverwekker. De ziektelast wordt met een internationale maat aangegeven: DALY's (Disability Adjusted Life Years). De totale ziektelast van 14 voedselgerelateerde ziekteverwekkers in 2024 werd geschat op 12.000 DALY. Dit is iets hoger dan in 2023 (11.000 DALYs; 9 procent meer). Het deel van de ziektelast dat via voeding is veroorzaakt, is in 2024 geschat op 4.700 DALY. Dat is vergelijkbaar met 2023.

De totale ziektekosten van deze 14 voedselgerelateerde ziekteverwekkers zijn geschat op 566 miljoen euro in 2024. Dit is hoger dan in 2023 (553 miljoen euro; 2 procent meer). De geschatte kosten veroorzaakt door besmet voedsel bedroegen in 2024 192 miljoen euro. Dat is iets lager dan in 2023 (193 miljoen euro; 0,5 procent minder).

Het RIVM houdt bij hoe vaak voedselgerelateerde en enterale infecties in Nederland voorkomen en brengt uitbraken en de ziektelast (inclusief kosten) in kaart. Bij dit soort infecties werkt het RIVM samen met partners als de Nederlandse Voedsel- en Warenautoriteit (NVWA) en Wageningen Food Safety Research (WFSR).

Kernwoorden: voedselgerelateerde infecties, gastro-enteritis, maag-darminfecties, DALY, ziektelast, ziektekosten

Synopsis

Foodborne and other enteral infections in the Netherlands

2024 Annual Report

When people eat food contaminated with various kinds of bacteria, viruses or parasites, they can get ill. They can also get ill when exposed to these germs via a different route, such as human-to-human or animal-to-human contact. In most cases, the infection causes gastrointestinal symptoms, such as vomiting, abdominal pain and/or (bloody) diarrhoea. Sometimes, people develop serious complaints, such as hepatitis, sepsis or meningitis.

In 2024 (as in 2023), more people fell ill with *Salmonella* Enteritidis than in the years from 2015 to 2019. This bacterium was also found more frequently among laying hens in the Netherlands. Additionally, more people fell ill with Shiga toxin-producing *E. coli* (STEC) bacteria, hepatitis A virus and norovirus. The increase in the number of norovirus infections may be due to the fact that people were mostly infected by a norovirus genotype that was less common until recently. As a result, people have probably developed less immunity to it.

In total, it is estimated that nearly 2 million people in the Netherlands contracted an infection from a foodborne pathogen in 2024. We use an international unit to indicate the disease burden: DALYs (Disability Adjusted Life Years). In 2024, the total disease burden caused by 14 foodborne pathogens was estimated to be 12,000 DALYs. This is slightly higher (+9%) than in 2023 (11,000 DALYs). The portion of the disease burden attributable to food in 2024 is estimated at 4,700 DALYs. This is comparable to the figure for 2023.

The total healthcare costs associated with these 14 foodborne pathogens in 2024 have been estimated at 566 million euros. This is 2% more than in 2023 (553 million euros). The estimated costs caused by contaminated food amounted to 192 million euros in 2024. This is slightly less (-0.5%) than in 2023 (193 million euros).

RIVM monitors the frequency of foodborne and enteral infections in the Netherlands and maps out the outbreaks and the associated disease burden (including costs). For these types of infections, RIVM collaborates with various partners, including the Netherlands Food and Consumer Product Safety Authority (NVWA) and Wageningen Food Safety Research (WFSR).

Keywords: foodborne infections, gastro-enteritis, gastrointestinal infections, DALY, disease burden, healthcare costs

Inhoudsopgave

Samenvatting — 11

1 Inleiding — 13

2 Databronnen en methoden — 15
2.1 Osiris — 15
2.1.1 Meldplicht — 15
2.1.2 Meldingen voedselgerelateerde uitbraken bij NVWA — 15
2.2 Laboratoriumsurveillance — 17
2.2.1 Virologische weekstaten — 17
2.2.2 ISIS-AR — 17
2.3 Kiemsurveillance — 17
2.4 Monitoring dieren en voedselketen — 17
2.5 Whole Genome Sequencing: uitbraken en data-sharing — 18
2.6 Ziekenhuisopnames (CBS/DHD) — 18
2.7 Ziektelast — 19

Resultaten-sectie 1 — 25

3 Campylobacteriose — 27
3.1 Hoofdpunten — 27
3.2 Achtergrond — 27
3.3 Epidemiologische situatie — 27
3.4 Clustering — 28
3.5 Discussie — 29
3.6 Tabellen en figuren — 29

4 Salmonellose — 31
4.1 Hoofdpunten — 31
4.2 Achtergrond — 31
4.3 Epidemiologische situatie — 32
4.4 Clustering — 32
4.5 Discussie — 35
4.6 Tabellen en grafieken — 35

5 Shigellose — 37
5.1 Hoofdpunten — 37
5.2 Achtergrond — 37
5.3 Epidemiologische situatie — 37
5.4 Clustering — 38
5.5 Discussie — 39
5.6 Tabellen en figuren — 39

6 STEC-infecties — 41
6.1 Hoofdpunten — 41
6.2 Achtergrond — 41
6.3 Epidemiologische situatie — 42
6.4 Clustering — 43
6.5 Discussie — 45
6.6 Tabellen en figuren — 46

7 Listeriose — 49
7.1 Hoofdpunten — 49
7.2 Achtergrond — 49
7.3 Epidemiologische situatie — 50
7.4 Clustering — 51
7.5 Discussie — 51
7.6 Tabellen en figuren — 52

8 Hepatitis A — 55
8.1 Hoofdpunten — 55
8.2 Achtergrond — 55
8.3 Epidemiologische situatie — 55
8.3.1 Mens — 55
8.3.2 Voedsel — 57
8.4 Clustering — 57
8.5 Discussie — 58
8.6 Tabellen en figuren — 59

9 Andere zoönotische infecties — 61
9.1 Botulisme — 61
9.1.1 Hoofdpunten — 61
9.1.2 Achtergrond — 61
9.1.3 Epidemiologische situatie — 61
9.1.4 Discussie — 62
9.2 Brucellose — 62
9.2.1 Hoofdpunten — 62
9.2.2 Achtergrond — 62
9.2.3 Epidemiologische situatie — 63
9.2.4 Tabellen en figuren — 63
9.3 Cryptosporidiose — 64
9.3.1 Hoofdpunten — 64
9.3.2 Achtergrond — 64
9.3.3 Epidemiologische situatie — 64
9.3.4 Tabellen en figuren — 65
9.4 Trichinellose — 65
9.4.1 Hoofdpunten — 65
9.4.2 Achtergrond — 66
9.4.3 Epidemiologische situatie — 66
9.5 Yersiniose — 67
9.5.1 Hoofdpunten — 67
9.5.2 Achtergrond — 67
9.5.3 Epidemiologische situatie — 67
9.5.4 Tabellen en figuren — 68

10 Andere enterale infecties — 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 Discussie — 71
10.1.5 Tabellen en figuren — 72
10.2 Cholera — 74
10.2.1 Hoofdpunten — 74
10.2.2 Achtergrond — 74

10.2.3 Epidemiologische situatie — 75
10.2.4 Discussie — 75
10.2.5 Tabellen en figuren — 75

11 Andere virussen, gemeld in de Virologische Weekstaten — 77
11.1 Hoofdpunten — 77
11.2 Rotavirus — 77
11.3 Norovirus — 78
11.4 Hepatitis E-virus — 78
11.5 Tabellen en figuren — 79

Resultaten-sectie 2 — 81

12 Voedselgerelateerde uitbraken — 83
12.1 Hoofdpunten — 83
12.2 Achtergrond — 83
12.3 Epidemiologische situatie — 83
12.3.1 Aantal meldingen — 83
12.3.2 Voedselonderzoek NVWA — 84
12.3.3 Ziekteverwekkers — 85
12.3.4 Setting — 87
12.4 Discussie — 87
12.5 Tabellen en figuren — 88

Resultaten-sectie 3 — 91

13 Ziektelast — 93
13.1 Hoofdpunten — 93
13.2 Achtergrond — 93
13.3 Epidemiologische situatie — 93
13.3.1 Incidentie — 93
13.3.2 DALY — 94
13.3.3 Ziektekosten — 94
13.3.4. Attributie — 95
13.4 Discussie — 96
13.5 Tabellen en figuren — 97

14 Discussie en conclusies — 107

Dankbetuiging — 111

Literatuur — 113

Afkortingenlijst — 119

Bijlage 1 Overzichtstabellen voedselgerelateerde uitbraken — 121

Bijlage 2 Attributieresultaten voedselgerelateerde aantal ziektegevallen, sterfgevallen, DALY en CoI, 2020–2024 — 124

Samenvatting

Dit rapport geeft een overzicht van de epidemiologische situatie van voedselgerelateerde en overige enterale infecties in Nederland gedurende 2024. We beschrijven zowel het vóórkomen van voedselgerelateerde infecties en uitbraken, als de met deze groep ziekteverwekkers geassocieerde ziektelast en kosten. Het betreft een jaarlijkse rapportage met als doel om beleidsmakers, epidemiologen, microbiologen, GGD'en en overige geïnteresseerden te informeren. Het rapport is gebaseerd op data die verkregen zijn uit de meldingsplicht (Wet publieke gezondheid), laboratorium- en kiemsurveillance, ziekenhuisdata en registratie van voedselgerelateerde uitbraken bij de Nederlandse Voedsel- en Warenautoriteit (NVWA).

Voedselgerelateerde infecties worden veroorzaakt door een diverse groep aan bacteriële, parasitaire en virale ziekteverwekkers die via voedsel overgedragen *kunnen* worden. Alhoewel voedsel de belangrijkste transmissieroute is voor de meeste ziekteverwekkers binnen deze groep, kan verspreiding naar mensen ook plaatsvinden via het milieu of direct contact met mensen, dieren en/of feces. Het relatieve belang van de verschillende transmissieroutes voor de ziektelast verschilt per ziekteverwekker. Meestal leiden deze infecties tot maag-darmklachten, zoals overgeven, buikpijn, en/of (bloederige) diarree. In sommige gevallen leiden deze infecties tot ernstige symptomen, zoals hepatitis, bloedvergiftiging of hersenvliesontsteking.

De totale incidentie van deze groep pathogenen in 2024 is geschat op 1.891.000 zieken, met een ziektelast van 12.000 DALY en een kostenpost van 566 miljoen euro. Dit is iets hoger dan in 2023 (11.000 DALYs; +9%) en 2022 (10.000 DALYs; +20%). Van deze totale ziektelast is ongeveer 39 procent toe te schrijven aan voedsel als transmissieroute, wat gelijk is aan 2023. Andere transmissieroutes betreffen mens-op-mens (29%), reizen (13%), milieu (12%) en diercontact (6%). De volksgezondheidsimpact van deze pathogenen is sinds 2023 teruggekeerd naar het pre-pandemische niveau en vertoont sindsdien een licht opwaartse trend.

Opvallende toenames in incidentie in 2024 zijn waargenomen voor infecties met *Salmonella* Enteritidis, Shiga toxine-producerende *E. coli* (STEC), hepatitis A-virus en norovirus. De sterke stijging in de incidentie in *Salmonella* Enteritidis reflecteert een stijging van de prevalentie in de leghensector van waaruit besmette eieren de belangrijkste oorzaak zijn van de infecties bij mensen. Deze verheffing zet zich door in 2025. Gecoördineerde actie is nodig om de prevalentie in de leghensector omlaag te brengen en de blootstelling naar de bevolking te verlagen. De toename in norovirus is mogelijk toe te schrijven aan een verandering in het meest circulerende genotype vanaf het voorjaar van 2024 (II.17 in plaats van het voorheen dominante II.4). De oorzaak van de toename van STEC-infecties en hepatitis A is onbekend.

Het totaal aantal gemelde voedselgerelateerde uitbraken is in 2024 (n=1.179), na een daling in 2023, op het niveau van 2022 (1.173

uitbraken). Dit niveau is aanmerkelijk hoger dan pre-covid. De reden daarvan is onbekend. De belangrijkste verwekkers die gerelateerd zijn aan deze uitbraken waren norovirus en *Salmonella*. De twee meest opvallende, landelijke, uitbraken waarbij succesvol een bron was te vinden, betroffen een *Salmonella*-uitbraak die gerelateerd was aan droge worst en een hepatitis A-uitbraak die gerelateerd was aan bevroren blauwe bessen.

1 Inleiding

Voedselgerelateerde infectieziekten is een overkoepelende term voor een verscheidenheid aan bacteriële, parasitaire en virale enterale ziekteverwekkers die via voedsel overgedragen *kunnen* worden en is ruwweg in te delen in voedselinfectie en -vergiftiging. Bij een voedselinfectie worden de ziekteverschijnselen veroorzaakt door de aanwezigheid van de ziekteverwekker. Deze kent meestal een incubatieperiode van minimaal een dag. Bij een voedselvergiftiging veroorzaken toxinen (gifstoffen), voornamelijk geproduceerd door bacteriën, de ziekteverschijnselen en treden de verschijnselen binnen enkele uren op. Voedselgerelateerde infectieziekten leiden wereldwijd tot een aanzienlijke ziektelast. Daarmee vormen ze een bedreiging voor de volksgezondheid [1-5]. Meestal leiden deze tot maag-darmklachten, zoals overgeven, buikpijn, en/of (bloederige) diarree. In sommige gevallen leiden deze infecties tot ernstige symptomen, zoals hepatitis, bloedvergiftiging of hersenvliesontsteking. Het reservoir voor een deel van de voedselgerelateerde ziekteverwekkers zijn (landbouw)huisdieren. Bij andere is de mens de enige gastheer en vindt verspreiding plaats van mens-op-mens. Hoewel voedsel de belangrijkste transmissieroute is voor de meeste van deze ziekteverwekkers, kan verspreiding ook plaatsvinden via het milieu (bodem/lucht/oppervlaktewater) of via direct contact met mensen, dieren en/of feces. Het relatieve belang van deze verschillende transmissieroutes voor de ziektelast verschilt per ziekteverwekker.

Deze jaarrapportage over 2024 beschrijft de incidentie van de individuele ziekteverwekkers, het vóórkomen van voedselgerelateerde infecties en uitbraken, en de ziektelast (inclusief kosten) die geassocieerd zijn met deze groep ziekteverwekkers. **Sectie 1** presenteert het vóórkomen van de afzonderlijke ziekteverwekkers; **Sectie 2** rapporteert de voedselgerelateerde uitbraken; en **Sectie 3** beschrijft met voedseloverdraagbare infecties geassocieerde ziektelast en kosten.

Niet geïncludeerd in dit rapport:

- De ontwikkeling van antibioticaresistentie in (met name voedselgerelateerde) ziekteverwekkers wordt uitvoerig beschreven in het ‘MARAN’-rapport, zie: https://www.wur.nl/nl/Onderzoek-Resultaten/Onderzoeksinstituten/Bioveterinary-Research/Uitgelicht/Antibioticaresistentie/MARAN-rapporten.htm
- Een groot deel van de in dit rapport beschreven ziekteverwekkers betreft zoönosen (van dier-op-mens overdraagbare infectieziekten). Trends in deze infectieziekten bij de mens worden het best beschreven in relatie tot het voorkomen in hun bronnen. De Nederlandse Voedsel- en Warenautoriteit (NVWA) monitort de aanwezigheid van (humane) ziekteverwekkers in landbouwhuisdieren en voedsel in het kader van haar toezichtstaak. Wageningen Food Safety Research (WFSR) voert het laboratoriumonderzoek uit. Het vóórkomen van zoönosen in dieren, voedsel en milieu wordt gerapporteerd in de ‘Staat van

Zoönosen’ (https://www.onehealth.nl/staat-van-zoonosen). Dit rapport neemt wel de gecombineerde surveillance en uitbraakonderzoek humaan-voedsel op basis van whole genome sequencing (WGS) mee.

2 Databronnen en methoden

Deze jaarrapportage over 2024 beschrijft de incidentie van de individuele ziekteverwekkers, het vóórkomen van voedselgerelateerde infecties en uitbraken, en de met deze groep ziekteverwekkers geassocieerde ziektelast (inclusief kosten). De data zijn deels afkomstig uit de meldplicht. De overige gegevens komen uit databases waarin op vrijwillige basis informatie wordt verzameld vanuit medisch microbiologische laboratoria en meldingen bij de NVWA. Zie Tabel 2.1 voor een overzicht van de databronnen per ziekte/ziekteverwekker.

2.1 Osiris

2.1.1 Meldplicht

De meldplicht is als 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. Zie Tabel 2.1 voor een overzicht van de ziekteverwekkers in deze rapportage waarvoor een meldplicht bestaat.

Naast de individuele meldplicht voor specifieke ziekteverwekkers bestaat er een meldplicht voor voedselgerelateerde uitbraken. We spreken van een uitbraak als er twee of meer patiënten zijn met dezelfde ziekteverschijnselen of -verwekker en een onderlinge epidemiologische of microbiologische relatie die wijst op voedsel als bron. De onderlinge relatie kan blijken uit een vergelijkbaar klinisch beeld, overeenkomst in tijdstip van ziekte, geografische locatie, ziekteverwekker of subtype. De melding bevat dan informatie over de uitbraak - voor zover bekend - en niet van de individuele patiënten: eerste ziektedag van de eerste zieke, het aantal zieken, aantal zieken met diarree en/of braken, aantal ziekenhuisopnames, aantal sterfgevallen, de incubatietijd, ziekteduur, relatie tussen de patiënten, het land van besmetting, de eventuele aanwezigheid van een ziekteverwekker in patiënten of in voedsel, de mogelijke voedselbron en de plaats van bereiding. En als de NVWA is ingeschakeld: het bijbehorende NVWA-meldingsnummer en de uitslag van het onderzoek van de NVWA.

De bij de meldplicht van voedsel-overdraagbare en andere enterale ziekteverwekkers behorende criteria zijn te vinden op https://lci.rivm.nl/meldingsplichtige-ziekten.

2.1.2 Meldingen voedselgerelateerde uitbraken bij NVWA

Gedurende het jaar worden de voedselgerelateerde uitbraken die bij de NVWA worden gemeld in Osiris ingevoerd. De criteria voor het wel of niet registreren van een melding in Osiris zijn in de loop van de tijd

aangepast. Vanaf 2015 worden alle niet-anonieme meldingen van uitbraken geregistreerd, ongeacht of er voedsel- en/of omgevingsmonsters zijn genomen. Anonieme meldingen, uitgezonderd meldingen van grote uitbraken, en meldingen van een enkel ziektegeval worden niet in Osiris geregistreerd.

Personen die vermoeden dat ze ziek zijn geworden door consumptie van een levensmiddel kunnen hierover een melding doen bij het Klantcontactcentrum van de NVWA. Van iedere melding worden relevante zaken vastgelegd, zoals een duiding van de melding en gegevens van de mogelijk betrokken locatie waar het voedselproduct is genuttigd of gekocht. Ook wordt een verkorte voedselanamnese afgenomen.

Vervolgens beoordeelt een deskundige de melding op risico voor de volksgezondheid en wordt een passende urgentie voor opvolging van de melding bepaald. Hierbij worden de ernst van de ziekteverschijnselen, het aantal betrokken personen, de volledigheid en de relevantie van de gegevens meegewogen. Daarnaast wordt ook bekeken of er vergelijkbare aan het verdachte product of aan dezelfde (productie)locatie gerelateerde meldingen zijn. Meldingen met weinig concrete aanwijzingen voor bronopsporing, of meldingen die gaan over een voorval uit een te ver verleden, worden met een gemiddelde urgentie opgepakt binnen het reguliere toezicht.

Meldingen met concrete aanwijzingen voor bronopsporing worden met hoge urgentie opgevolgd en verder afgehandeld door de uitvoerende inspectie-afdeling van de NVWA. Doorgaans wordt een fysieke inspectie uitgevoerd bij de (productie)locatie waarover de melding gaat. Daarbij vindt onder meer inspectie plaats van de borging van de bereidingsprocessen en de hygiëne. Wanneer nodig en beschikbaar, worden voor bronopsporing ook voedsel- en/of omgevingsmonsters genomen voor onderzoek op ziekteverwekkers. Vervolgens voert WFSR de microbiologische en/of chemische analyses uit in opdracht van de NVWA om na te gaan of het betreffende voedsel de ziektebron is geweest.

Bij de beoordeling van een melding op risico’s voor de volksgezondheid en aanknopingspunten voor mogelijke bronopsporing, wordt het Expertisecentrum Voedselvergiftiging ingeschakeld voor de inhoudelijke aansturing. Deze groep van NVWA-deskundigen coördineert de bronopsporing bij complexe en grote meldingen van ziekte door voedsel. Ook is het Expertisecentrum Voedselvergiftiging de inhoudelijke gesprekspartner bij gezamenlijk uitbraakonderzoek (bronopsporing) met GGD en/of RIVM.

Signalen van landelijke/bovenregionale uitbraken worden meestal rechtstreeks aan het Expertisecentrum gemeld. Doordat dit een andere route is dan standaard, worden de gegevens van deze uitbraken niet in het routine-programma van de NVWA opgeslagen. Als dat nodig is, worden deze meldingen handmatig aangevuld in of toegevoegd aan het analysebestand.

De wijze waarop meldingen bij de NVWA worden behandeld, is eerder uitgebreid beschreven [6, 7].

2.2 Laboratoriumsurveillance

2.2.1 Virologische weekstaten

Wekelijks melden ongeveer 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. De rapportage aan het RIVM gebeurt op basis van de week van de laboratoriumdiagnostiek. Hierbij wordt geen onderscheid gemaakt tussen diagnostiek vanuit de 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.

2.2.2 ISIS-AR

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

2.3 Kiemsurveillance

Kiemsurveillance (= fenotypische en/of genotypische karakterisering van het pathogeen volgend op de primaire diagnostiek) speelt een belangrijke rol bij het detecteren van clusters en uitbraken en zicht te houden op circulerende typen. In de meeste gevallen worden isolaten/monsters naar het RIVM gestuurd door medisch microbiologische laboratoria (voor Listeria centraal via het Nationaal Referentielaboratorium voor Bacteriële Meningitis bij het Amsterdam UMC).

2.4 Monitoring dieren en voedselketen

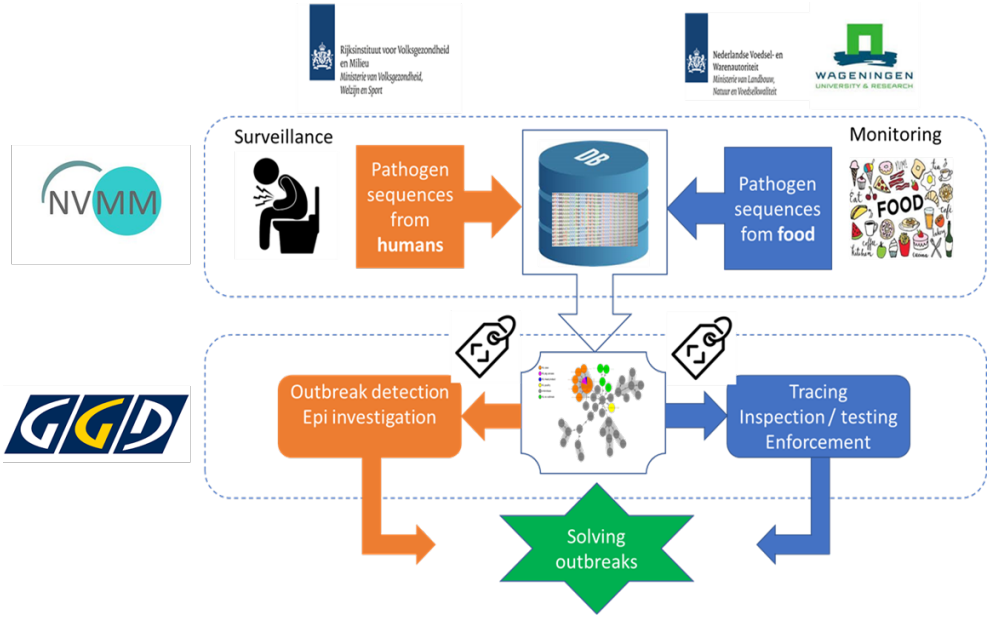
Naast surveillance bij de mens vindt ook monitoring plaats van dieren en dierlijke producten binnen verschillende programma’s en projecten van met name de Nederlandse Voedsel en Waren Autoriteit (NVWA) en Wageningen Food Safety Research (WFSR), soms in samenwerking met het RIVM. De NVWA monitort in de gehele levensmiddelenketen, van primaire productiebedrijven tot in de detailhandel, op wettelijke limieten en criteria, het volgen van trends en het signaleren van nieuwe risico’s. Op slachthuizen in de verschillende vleesketens worden onder andere naleving van verplicht, eigen onderzoek van deze bedrijven (microbiologische criteria voor levensmiddelen Verordening (EG), nummer 2073/2005) gecontroleerd en neemt de NVWA ook monsters ter verificatie. Deze monsters worden onderzocht door WFSR. Het

voorkomen van zoönosen in dieren, voedsel en milieu wordt gerapporteerd in de 'Staat van Zoönosen' (zie: https://www.onehealth.nl/staat-van-zoonosen). 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

Isolaten worden middels WGS routinematig gekarakteriseerd (in *silico* serotypering en AMR-profiling) en getypeerd (met core genome multi-locus sequence typing, ofwel cgMLST). De cgMLST-data worden gebruikt om clusters van patiënten te identificeren: patiënten met een (nagenoeg) identiek isolaat delen hoogstwaarschijnlijk eenzelfde infectiebron. Ook aan de dierlijke en voedselkant (WFSR) wordt in toenemende mate van WGS als typeringsmethode gebruikgemaakt. Een van de grote voordelen van WGS is dat deze techniek ondubbelzinnige data genereert die eenvoudig tussen laboratoria en landen zijn te delen. Door de WGS-data van patiënt-isolaten te vergelijken met die uit dieren/voedsel zijn relaties tussen clusters en bronnen te bepalen. Sinds 2017 werken RIVM, NVWA en WFSR met een gedeelde database waar WGS-data van isolaten vanuit de humane surveillance en de voedselmonitoring bij elkaar komen en gezamenlijk worden geanalyseerd op clusters (Figuur 2.1). Ook worden 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 Europose Referentie Laboratoria in het buitenland.

Figuur 2.1 Whole Genome Sequencing data-sharing NVWA/WFSR en RIVM



2.6 Ziekenhuisopnames (CBS/DHD)

Een belangrijke graadmeter voor de ernst van de ziekte is hoeveel patiënten er in het ziekenhuis worden opgenomen. 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), waartoe via CBS toegang wordt verleend. Deze data bestaan uit administratieve LMR-gegevens van dagopnames en klinische opnames die bij elke opname worden vastgelegd. Vrijwel alle ziekenhuizen in Nederland doen hieraan mee. Hierin staat onder andere de diagnosestelling, die is gebaseerd op de ICD-classificatie van diagnosen (International Statistical Classification and Related Health Problem). Dit is de internationale standaard voor het classificeren van ziekten en aandoeningen. Dit rapport gebruikt deze data enkel voor het schatten van het aantal ziekenhuisopnames door rotavirus.

2.7 Ziektelast

De impact van veertien door voedsel overgedragen ziekteverwekkers (*Campylobacter spp.*, niet-tyfoïde *Salmonella spp.*, STEC O157, *Listeria monocytogenes*, toxineproducerende bacteriën, zoals *Bacillus cereus*, *Clostridium perfringens* en *Staphylococcus aureus*; virussen zoals norovirus, rotavirus, hepatitis A-virus en hepatitis E-virus; en parasieten zoals *Cryptosporidium spp.*, *Giardia spp.* en *Toxoplasma gondii*) wordt uitgedrukt in termen van ziektelast (*Burden of Disease, BoD*) en ziektekosten (*Cost of Illness, CoI*).

De methode die wordt gebruikt om de ziektelast (uitgedrukt in Disability Adjusted Life Years, DALY) en de daarmee gepaard gaande kosten (uitgedrukt in euro's) te schatten, is uitgebreid beschreven in eerdere publicaties [8].

Voor de berekeningen van de BoD en CoI worden verschillende gegevens gebruikt. Informatie over de omvang en leeftijdsverdeling van de Nederlandse bevolking (Tabel 2.2), evenals over sterfterisico’s, het aantal levendgeborenen (Tabel 2.3) en doodgeborenen, is verkregen via het Centraal Bureau voor de Statistiek (CBS).

Trendgegevens over de incidentie van gastro-enteritis (GE) per pathogeen in de algemene bevolking en onder mensen die een huisarts bezoeken, zijn afkomstig uit de volgende bronnen:

- ***Campylobacter* spp.**: RIVM ISIS-AR-laboratoriumsurveillance.
- **Niet-tyfoïde *Salmonella* spp.**: RIVM-laboratoriumsurveillance. Vanaf 2023 presenteren we alle bij het RIVM gemelde laboratoriumbevestigde humane salmonellosegevallen. In voorgaande jaren werden voor de DALY-berekeningen alleen meldingen van volksgezondheidslaboratoria (streeklaboratoria) meegenomen. Hierdoor ontstaat er een trendbreuk na 2023.
- ***Shiga*-toxine producerende *Escherichia coli* O157 (STEC O157)**: meldingsplicht en laboratoriumsurveillance.
- **Perinatale en invasieve listeriose**: meldingsplicht en laboratoriumsurveillance.
- **Norovirus**: geschatte ziekenhuisopnames geassocieerd met norovirus, gebaseerd op RIVM-laboratoriumsurveillance.
- **Rotavirus**: RIVM-laboratoriumsurveillance.
- **Hepatitis A-virus**: meldingsplicht en laboratoriumsurveillance.

- **Hepatitis E-virus**: RIVM-laboratoriumsurveillance.
- ***Cryptosporidium* spp.**: De incidentie in 2020 is gebaseerd op waargenomen (2017–2018) en geschatte (2019) lineaire trendgegevens over 2017–2019. De incidentie in 2021 is gebaseerd op waargenomen (2018) en geschatte (2019–2020) trendgegevens over 2018–2020. De incidentie in 2022, 2023 en 2024 is gebaseerd op geschatte trendgegevens over de drie daaraan voorafgaande jaren. De 2020-2023 trendgegevens zijn bijgesteld op basis van waargenomen convenience-incidentiegegevens afkomstig van drie diagnostische laboratoria in Nederland.
- ***Giardia* spp.**: er is uitgegaan van een stabiele incidentie sinds 2007 (het laatste jaar waarin RIVM-laboratoriumgegevens voor *Giardia spp.* beschikbaar waren). Aangezien de incidentie van *Giardia spp.* een vergelijkbaar patroon volgde als die van *Cryptosporidium spp.*, is aangenomen dat de incidentie van *Giardia spp.* in 2020, 2021 en 2022 (de jaren van de COVID-19-pandemie) dezelfde trend volgde als die van *Cryptosporidium spp.* in die jaren. Voor de jaren 2023 en 2024 is aangenomen dat de incidentie van *Giardia* spp. gelijk is gebleven aan het niveau van vóór de COVID-19-pandemie.
- Voor toxineproducerende bacteriën (*Bacillus cereus*, *Clostridium perfringens* en *Staphylococcus aureus*) en *Toxoplasma gondii* zijn geen trendgegevens beschikbaar.

Trends in ziekenhuisopnames met gastro-enteritis als primaire oorzaak (ICD-codes 20–93; 558.9) zijn verkregen van Dutch Hospital Data (DHD). Sinds 2015 wordt het aantal opgenomen patiënten indirect geschat op basis van waargenomen tijdreeksen van RIVM-laboratoriumgegevens over rotavirus, norovirus, campylobacteriose en salmonellose.

Oversterfterisico’s door campylobacteriose en salmonellose zijn aangenomen constant te zijn over de jaren. Sterfgevallen door listeriose en STEC O157 zijn verkregen uit surveillancegegevens op basis van meldingsplicht bij het RIVM. Leeftijdsspecifieke case-fatality ratios voor norovirus en rotavirus, oorspronkelijk verkregen uit Duitse surveillancegegevens, en voor protozoaire pathogenen, afkomstig uit internationale literatuur, zijn als constant aangenomen in de tijd (veranderingen in verloren levensjaren weerspiegelen dus veranderingen in incidentie waarop de sterfte is gebaseerd).

Het aandeel van humane gevallen via zeven transmissieroutes — namelijk 1) voedsel, 2) drinkwater, 3) oppervlaktewater, 4) overige milieupaden, 5) dier-op-mens (diercontact), 6) mens-op-mens, en 7) internationale reizen — en via twintig groepen binnen de voedselroute, is geschat met behulp van gestructureerde expertbeoordeling (expert-elicitatie). Deze elicitatie is uitgevoerd in 2023 en vormt een update van de eerdere studie van Havelaar et al. uit 2008 [9]. De nieuwe attributieschattingen gaan over de situatie in de jaren na de COVID-19-pandemie. Ze zijn daarom met terugwerkende kracht toegepast op de ziektelastschattingen vanaf 2020.

Tabel 2.1 Overzicht van de enterale, voedsel-gerelateerde infecties die in dit rapport worden beschreven: reservoirs, transmissieroutes en type surveillance systeem – a) bacteriën

	Reservoir	Transmissie-route(s)	Meldplicht	Laboratorium-surveillance	Kiem-surveillance	Monitoring voedsel-keten	Ziektelast
Bacteriën - infectieus							
Brucellose	Dier	Dier/voedsel	X				
Buiktyfus	Mens	Mens/milieu	X				
Campylobacteriose	Dier	Voedsel/dier/milieu		X[1]	X	X	X
Cholera	Mens	Mens/milieu	X				
Listeriose	Dier/milieu	Voedsel	X		X	X	X
Paratyfus A, B, C	Mens	Mens/milieu	X				
Salmonellose	Dier	Voedsel/dier/ milieu			X	X	X
Shigellose	Mens	Mens/voedsel	X		X		
STEC[2]	Dier	Voedsel/dier/ milieu	X		X	X	O157
Yersiniose	Dier	Voedsel/dier		X[1]	X		
Bacteriën - toxineproducerend							
Bacillus cereus	Milieu/mens	Voedsel					X
Botulisme	Dier	Voedsel/dier	X				
Clostridium perfringens	Milieu/mens	Voedsel					X
Staphylococcus aureus	Mens	Voedsel					X

[1] Via ISIS-AR.
[2] Shiga toxine-producerende Escherichia coli.

Tabel 2.1 Vervolg overzicht van de enterale, voedsel-gerelateerde infecties die in dit rapport worden beschreven: reservoirs, transmissieroutes en type surveillance systeem – b) virussen en parasieten

	Reservoir	Transmissie-route(s)	Meldplicht	Laboratorium-surveillance	Kiem-surveillance	Monitoring voedsel-keten	Ziektelast
Virussen							
Hepatitis A	Mens	Voedsel/mens	X	X[3]	X[4]	X	X
Hepatitis E	Dier	Voedsel		X[3]	X[4]	X	X
Norovirus	Mens	Voedsel/mens		X[3]	X[4]	X	X
Rotavirus	Mens	Mens		X[3]			X
Parasieten							
Cryptosporidiose	Mens/dier	Voedsel/mens/milieu/ dier					X
Giardia spp.	Mens	Voedsel/mens/milieu					X
Toxoplasmose	Dier/milieu	Voedsel/milieu					X
Trichinellose	Dier	Voedsel	X				

[3] Virologische weekstaten (https://www.rivm.nl/virologische-weekstaten; [10]).
[4] Moleculair platform (www.rivm.nl/havnet, www.rivm.nl/hevnet, www.rivm.nl/noronet).

Tabel 2.2 Bevolking naar leeftijdsgroep, Nederland, 2020–2024

***Leeftijd* groep**	**2020**	**2021**	**2022**	**2023**	**2024**
0	169.497	168.270	179.133	167.629	164.473
1-4	691.975	689.356	685.520	700.526	699.389
5-11	1.293.205	1.281.948	1.288.551	1.273.615	1.267.444
12-17	1.182.568	1.171.648	1.184.960	1.171.332	1.172.039
18-64	10.677.785	10.706.658	10.764.428	10.680.182	10.962.369
65+	3.392.555	3.457.535	3.313.251	3.601.167	3.677.228
Totaal	17.407.585	17.475.415	17.415.843	17.594.451	17.942.942

Tabel 2.3 Levendgeborenen naar leeftijd van de moeder, Nederland, 2020–2024

Leeftijd moeder	**2020**	**2021**	**2022**	**2023**	**2024***
≤19	876	715	771	727	750
20-24	10.015	9.899	10.021	9.629	9.580
25-29	43.666	45.289	41.719	39.971	37.008
30-34	70.258	75.904	70.129	68.955	64.714
35-39	35.868	39.153	36.725	37.102	35.609
40-44	7.571	8007	7.684	7.600	7.357
45+	427	474	455	503	506
Totaal	168.681	179.441	167.504	164.487	155.523

*Schattingen op basis van waargenomen trendgegevens uit 2021-2023.

Resultaten-sectie 1

3 Campylobacteriose

3.1 Hoofdpunten

- In 2024 werden in totaal 4.735 campylobacteriose-patiënten geregistreerd in ISIS-AR. Dat is bijna gelijk aan 2023, maar lager dan in 2017-2019 vóór de COVID-19-pandemie.
- In 2024 bleek dat 39 procent van de *Campylobacter*-isolaten clusterden. Er werden 32 clusters gedetecteerd.

3.2 Achtergrond

Campylobacter spp. zijn een veel voorkomende oorzaak van maag-darminfecties. 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-immuue reactie tegen perifere zenuwen). *Campylobacter*-infecties zijn het meest geassocieerd met pluimvee (48%), honden/katten (18%), rundvee (12%) en oppervlaktewater (9%) [11]. De bijdrage van reservoir-specifieke transmissieroutes via voedsel is aanmerkelijk lager dan de attributies naar de reservoirs, aangezien andere routes van transmissie (bijvoorbeeld 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 als 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 wordt verkregen via het Infectieziekten Surveillance Informatie Systeem voor Antibiotica Resistentie (ISIS-AR). Dit verzamelt gegevens over antibioticaresistente (onder andere voor *Campylobacter spp*.) van een groot aantal medische microbiologische laboratoria. De dekkingsgraad van de Nederlandse bevolking van deze dataset is niet bekend.

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 [12]. In 2017 werd het laagste aantal laboratorium bevestigde gevallen van campylobacteriose (4.794) gevonden sinds het begin van de registratie in 1993. Het aantal steeg echter in 2018 (5.079) en 2019 (5.079), maar daalde aanzienlijk in 2020 en 2021 (3.757 en 4.230), waarschijnlijk door de COVID-19-pandemie. Dit aantal steeg in 2022 naar 4.757. Dat was hoger dan in 2020 en 2021, maar is nog steeds

lager dan vóór de COVID-19-pandemie. De oorzaak hiervan is onbekend.

In 2024 waren er 4.735 campylobacteriose gevallen gemeld in ISIS-AR. Dat is bijna aan 2023, maar lager dan in 2017-2019 vóór de COVID-19-pandemie (gemiddeld 4.984, spreiding: 4.794 – 5.079) (Figuur 3.1). In 2024 hebben echter nog niet alle laboratoriadata aan ISIS-AR geleverd, waardoor het aantal waarschijnlijk nog verder zal oplopen. Hiervan betrof het 89 procent *Campylobacter jejuni*, 10 procent *Campylobacter coli*. 1 procent betrof andere *Campylobacter*-species. Deze species-verdeling is vergelijkbaar met voorgaande jaren. In 2024 werd maar één *Campylobacter*-uitbraak gemeld door GGD'en ten opzichte van 5-12 uitbraken over de periode 2014-2023.

3.4 Clustering

Per 1 mei 2021 is het driejarige *Campylobacter* sentinel-kiemsurveillanceproject van start gegaan. Sindsdien is er een representatieve selectie van 1.751 isolaten gemaakt voor WGS-analyse. Hierbij is rekening gehouden met seizoenspreiding, inzender en species. Hiervan werd 90 procent geïdentificeerd als *C. jejuni* en 10 procent als *C. coli*. De mediane leeftijd was 41 jaar (IQR 24-61), waarbij 48 procent man was.

Om groepen patiënten te identificeren met identieke stammen (wat duidt op een gemeenschappelijke bron), is sinds 2021 het core genome multi locus sequence typing (cgMLST) -schema met 637 allelen gebruikt. Sinds 2023 werd het cgMLST PubMLST-schema met 1.343 allelen (ook) gebruikt. Dat biedt een hogere resolutie, waardoor een nauwkeuriger differentiatie tussen isolaten mogelijk is en een lager percentage isolaten samen wordt geclusterd.

Van de totaal 1.751 isolaten bleek dat 713 (41%) isolaten clusterden met minstens één ander humaan isolaat volgens het nieuwe schema. In totaal zijn 185 clusters geïdentificeerd, met een mediane grootte van twee isolaten (variërend van twee tot 35 isolaten). De gemiddelde clustergrootte was vier isolaten. Voor elk cluster geldt dat deze clusters in werkelijkheid uit veel meer patiënten bestaat. Slechts een deel van de campylobacteriose-patiënten wordt gediagnosticeerd en deze surveillance omvat niet alle laboratoria.

Wanneer enkel gekeken wordt naar humane isolaten in 2024 blijkt dat 39 procent van de *Campylobacter* isolaten clustert met minimaal één ander humaan isolaat sinds 1 mei 2021. Dit was 40 procent in 2023. Ter vergelijking, voor *Salmonella* Enteritidis clusterde 72 procent van de humane isolaten in 2023. Deze bevindingen suggereren dat *Campylobacter* meer diffuus verspreid is dan *Salmonella* Enteritidis. Dat wijst erop dat de totale blootstelling (en de daaruit resulterende patiënten) het resultaat is van relatief veel verschillende kleinere bronnen. De humane isolaten in 2024 vormden 32 clusters met een mediane grootte van twee isolaten (variërend van 2-15 isolaten).

De dataset over 2021-2024 toont een veelheid aan kleine clusters, maar ook een klein aantal grotere clusters, vaak verspreid over meerdere

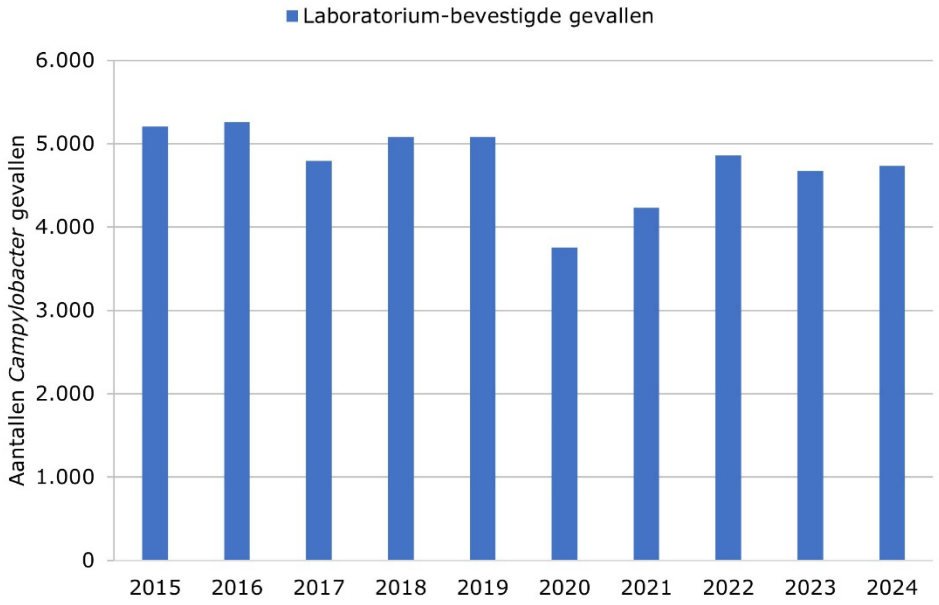
jaren. Uit de gegevens blijkt dat 59 procent van de clusters een tijdsbestek van meer dan één jaar overspant en dat 6 procent van de clusters gedurende alle vier jaren aanwezig was. Deze bevindingen duiden op zowel diverse afzonderlijke bronnen als persisterende bronnen, wat de complexiteit van de *Campylobacter*-bronopsporing benadrukt.

3.5 Discussie

Na een licht stijgende campylobacteriose-incidentie van 2017 tot en met 2019 zakte de incidentie tijdens de COVID-19-pandemie in 2020 en 2021 tot de laagste ooit waargenomen in Nederland. In 2022 en 2023 was de incidentie weer gestegen, maar het niveau van vóór de pandemie is nog niet bereikt. Ook in 2024 was het aantal campylobacteriose-patiënten nog niet op het niveau van vóór de COVID-19-pandemie. Hierbij moet wel opgemerkt worden dat nog niet alle laboratoria hun data hadden gemeld in 2024, waardoor het aantal nog kan oplopen.

3.6 Tabellen en figuren

Figuur 3.1 Aantallen humane gevallen van infecties met Campylobacter spp. op basis van ISIS-AR, 2015-2024



4 Salmonellose

4.1 Hoofdpunten

- In 2024 werden *Salmonella*-isolaten van in totaal 1.665 salmonellose-patiënten ingestuurd. Dit is hoger dan aan het aantal in 2023, toen het aantal patiënten ook al hoger was dan vóór de COVID-19-pandemie.
- Net als in 2023 was het aantal *S*. Enteritidis-patiënten in 2024 sterk verhoogd ten opzichte van 2015-2019. Hoewel het aantal patiënten met (monofasische) *S*. Typhimurium weer is toegenomen ten opzichte van 2023, is het nog niet terug op het niveau van vóór de COVID-19-pandemie.
- Op basis van WGS werden er 96 clusters van *S*. Enteritidis gedetecteerd, 62 clusters van *S.* Typhimurium, en 107 clusters van andere serotypen.
- In totaal is er bij zes clusters uitbraakonderzoek gedaan. Drie werden veroorzaakt door *S*. Enteritidis, waarvan er twee nog steeds actief zijn. De drie anderen werden veroorzaakt door (monofasische) *S*. Typhimurium, waarvan één werd veroorzaakt door geïmporteerd rundvlees en de andere twee waarschijnlijk werden veroorzaakt door filet americain en gedroogde worst.

4.2 Achtergrond

Humane infecties met *Salmonella* spp. kunnen verschillende ziektebeelden veroorzaken. De Salmonella's die vooral gastro-enteritis veroorzaken en waarover deze paragraaf gaat, 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.* Mensen kunnen geïnfecteerd worden door direct of indirect contact met besmette dieren of dierlijke feces (feco-oraal), door consumptie van besmette dierlijke producten (bijvoorbeeld vlees of eieren), en via milieuroutes, zoals oppervlaktewater. 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 (bijvoorbeeld sepsis of bacteriemie).

Incidentele gevallen van humane salmonellose zijn in Nederland, in tegenstelling tot diverse andere Europese landen, niet-meldingsplichtig. Salmonellose is alleen meldingsplichtig als 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 dekkingsgraad van deze surveillance op basis

van de deelnemende streeklaboratoria is 64 procent van de Nederlandse bevolking (voor laboratorium bevestigde salmonellose). De afgelopen jaren vonden er veel fusies plaats van medisch microbiologische laboratoria. Hierdoor is per 2023 de keuze gemaakt om *alle* (en dus niet alleen die van streeklaboratoria) door laboratoria ingestuurde isolaten te includeren voor het bepalen van de incidentie. Sinds 2021 worden alle *Salmonella*-isolaten *in-silico* geserotypeerd op basis van analyse van het genoom, bepaald door whole-genome-sequencing (WGS). WGS-data worden ook gebruikt om de *Salmonella*-isolaten verder te typeren voor monitoring en uitbraakonderzoek en brononderzoek te verrichten.

Trends van *Salmonella*-infecties bij de mens worden het best beschreven in relatie tot hun bronnen. Hiervoor verwijzen we naar de Staat van Zoönosen.

4.3 Epidemiologische situatie

Sinds dit jaar wordt enkel het totaal aantal ingestuurde *Salmonella*-isolaten van humane salmonellose-patiënten gerapporteerd. Het aantal ingezonden isolaten door streeklaboratoria wordt hiermee niet meer gerapporteerd, wat een deel van de laboratoria betreft. De dekkingsgraad van de gerapporteerde data is onbekend. Dit betekent dat de aantallen in dit hoofdstuk afwijken van wat er voorgaande jaren is gerapporteerd.

In 2024 bedroeg het totaal aantal ingestuurde *Salmonella*-isolaten van humane patiënten 1.665 (Tabel 4.1). Dit is hoger dan in 2023 (n=1.516), maar ook hoger dan COVID-19-pandemiejaren 2020-2022 (gemiddeld 896 patiënten, spreiding: 700-1.126) en 2016-2019 (gemiddeld 1.322 patiënten, spreiding: 1.233-1.554). Het aantal *Salmonella*-infecties was in 2024 het hoogst onder de peuters (1-4 jaar) en personen van 15-35 jaar (Figuur 4.1). Er is een afname tussen 35-65 jaar om vervolgens tussen 65-75 jaar weer iets op te lopen. Het percentage reis-gerelateerde salmonellose was vergelijkbaar met 2023 (19% in 2024 versus 17% in 2023).

Net als in voorgaande jaren zijn *S*. Enteritidis, Typhimurium en (monofasische) *S*. Typhimurium in 2024 de meest voorkomende veroorzakers van humane salmonellose (Tabel 4.1). Net als in 2023 (n=584) was het aantal *S*. Enteritidis-patiënten in 2024 (n=619) sterk verhoogd ten opzichte van 2015-2019 (gemiddeld: 357; spreiding: 285-443). De toenemende trend voor *S*. Enteritidis was al zichtbaar in 2019 maar werd onderbroken door de COVID-19-pandemie. Het aantal patiënten met *S*. Typhimurium (n=197) of monofasiche *S*. Typhimurium (n=145) was in 2024 nog steeds niet terug op het niveau van vóór de COVID-19-pandemie, maar is wel hoger dan in 2023, toen er respectievelijk 134 en 121 patiënten werden gezien (Figuur 4.2).

4.4 Clustering

Typering en karakterisering middels WGS wordt routinematig uitgevoerd voor alle *S*. Enteritidis-isolaten sinds 2019, *S*. Typhimurium sinds 2020 en alle overige 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 in 2024 clusterde 84 procent (n=517) met tenminste één ander humaan isolaat. Dit kunnen ook isolaten van eerdere jaren zijn. In totaal waren er 96 clusters van humane isolaten, met een mediane clustergrootte van drie (spreiding: 2-204 gevallen). Van de (monofasische) *S.* Typhimurium-isolaten clusterde 60 procent (n=206) met een ander humaan isolaat, met in totaal 62 clusters met een mediane clustergrootte van twee (spreiding: 2-42). Van de overige serotypen clusterde 35 procent (n=244) met een ander humaan isolaat, met in totaal 107 clusters met een mediane grootte van twee isolaten (spreiding: 2-49).

In totaal is er bij zes clusters/uitbraken een uitbraakonderzoek uitgevoerd:

- In januari 2024 werd een uitbraak van *S*. Enteritidis geïdentificeerd. In 2024 bestond het cluster uit 40 patiënten, verspreid over de periode van januari tot en met december 2024. Het betrof 23 vrouwen en 17 mannen, met een mediane leeftijd van 37 jaar (spreiding 1-87 jaar). De patiënten woonden verspreid over het land. Het vragenlijstonderzoek resulteerde in veertien ontvangen vragenlijsten, waaruit bleek dat alle patiënten eieren hadden geconsumeerd in de zeven dagen voorafgaande aan de eerste ziektedag. Traceringsonderzoek door de NVWA kon eieren echter niet als infectiebron bevestigen. Tussen juli en september 2024 werden geen nieuwe patiënten geïdentificeerd, waardoor de uitbraak ten einde leek. Vanaf oktober 2024 nam het aantal patiënten echter weer toe. Het vragenlijstonderzoek werd in januari 2025 hervat. Dit leverde echter geen nieuwe resultaten op en is in februari 2025 weer beëindigd. In april 2025 werden nog steeds nieuwe gerelateerde patiënten geïdentificeerd.
- In januari 2024 werd een cluster van *S*. Enteritidis geïdentificeerd, met tien patiënten in de periode van januari tot oktober 2024. De meeste patiënten (80%) werden geïdentificeerd tussen januari en februari 2024. Het cluster bestond uit acht mannen en twee vrouwen, met een mediane leeftijd van 28 jaar (spreiding 3-88 jaar). De patiënten woonden verspreid over het land. De bron van de uitbraak werd niet gevonden en de uitbraak kwam uit zichzelf tot een einde.
- In november 2024 werd uitbraakonderzoek gestart naar een cluster *S*. Typhimurium. In 2024 bestond het cluster uit acht patiënten, die werden geïdentificeerd in de periode november-december, van wie zeven vrouwen en een man. De patiënten hadden een mediane leeftijd van 33,5 jaar (spreiding 8-92 jaar). Op een na woonden alle cases in Noordoost-Nederland. Voor zover bekend, is één patiënt overleden. Het is onduidelijk of dit kwam door de *Salmonella*-infectie. Uit zes voedselvragenlijsten, waarvan vijf volledig waren ingevuld, bleek dat vijf patiënten gedroogde worst hadden geconsumeerd. Dit maakte gedroogde worst de meest waarschijnlijke infectiebron. De NVWA was op de hoogte gesteld, maar er werd geen gemeenschappelijke leverancier geïdentificeerd. Er was geen noodzaak om aanvullend traceringsonderzoek te doen in eerdere stadia van de keten, aangezien er al enkele weken geen nieuwe patiënten waren

gemeld. Na enkele maanden zonder nieuwe cases, werd dit cluster echter opnieuw actief in maart 2025. Het uitbraakonderzoek is toen hervat. Dit heeft (nog) niet geleid tot het vaststellen van een bron.

- In 2023 werd in samenwerking met de volksgezondheidsautoriteit van Curaçao een uitbraakonderzoek gestart naar een langlopend cluster van *S*. Enteritidis-patiënten onder de lokale bevolking van Curaçao en onder reizigers in Nederland die terugkeerden van Curaçao. Dit uitbraakonderzoek werd in 2024 voortgezet. In 2024 werden er twintig patiënten gemeld die aan dit cluster waren gerelateerd, van wie veertien vrouwen en zes mannen, met een mediane leeftijd van 22 jaar (spreiding 10-48 jaar). Acht patiënten woonden in Curaçao en twaalf patiënten waren woonachtig in Nederland met een reisgeschiedenis naar Curaçao. De bron van dit nog lopende uitbraakonderzoek is nog niet vastgesteld.
- In juni 2024 werd uitbraakonderzoek gestart naar een cluster monofasische Salmonella Typhimurium. Het cluster omvatte 26 patiënten die werden geïdentificeerd tussen juni en juli 2024. Dit specifieke sequentietype (ST10649) was niet eerder in Nederland gedetecteerd. Het betrof veertien vrouwen en twaalf mannen, met een mediane leeftijd van 34,5 jaar. Analyse van achttien ingevulde vragenlijsten wees op rundvlees als waarschijnlijke bron. Nadere case-case en case-controlestudies wezen specifiek op filet americain van een supermarktketen. Eén patiënt rapporteerde consumptie van filet americain van de specifieke supermarktketen tijdens een terugroepactie vanwege een STEC-besmetting. Er waren echter geen aanwijzingen over besmetting met *Salmonella* van deze partij. Er werden geen gerelateerde gevallen in andere landen gerapporteerd.
- Op 15 april 2024 meldde Denemarken een cluster van negen gevallen van Salmonella Typhimurium, wat snel uitgroeide tot een internationale uitbraak. Op 10 mei 2024 waren er 325 patiënten gerapporteerd in Denemarken (51), Frankrijk (1), Duitsland (1), Ierland (2), Nederland (8), en het Verenigd Koninkrijk (VK, 264). De uitbraak in het VK was onderdeel van een langlopend cluster dat begon in oktober 2020. Onderzoek in Denemarken duidde op vlees geïmporteerd uit het VK als waarschijnlijke bron. Engelse autoriteiten bevestigden een verband met een specifiek slachthuis. Dat leidde tot een terugroepactie en het implementeren van corrigerende maatregelen. In totaal werden 40 Nederlandse patiënten aan dit cluster gelinkt: 18 mannen en 22 vrouwen met een mediane leeftijd van 26 jaar. Uit 29 ingezonden vragenlijsten bleek dat 24 procent van de patiënten opgenomen was geweest in het ziekenhuis. Uit de voedselvragenlijsten en case-case-analyse viel op dat patiënten in het cluster in Nederland vooral biefstuk of carpaccio hadden geconsumeerd. Dit in tegenstelling tot Deense en Engelse patiënten, die vooral gehakt hadden geconsumeerd. Dit verschil kan te maken hebben met een verschillend gebruik van vleesdelen: waar deze in andere landen voor gehakt worden gebruikt, worden ze in Nederland verwerkt tot hoogwaardige producten, zoals carpaccio en biefstuk. Uit het aanvullend traceringonderzoek door de NVWA kwam geen direct verband

naar voren met het slachthuis in het VK. De betreffende partij rundvlees uit het VK is, voor zover door tracering kon worden achterhaald, niet rechtstreeks gedistribueerd op de Nederlandse markt. Ook bleek 79 procent van de Nederlandse patiënten buitenshuis te hebben gegeten, terwijl Deense patiënten hun vlees voornamelijk in supermarkten hadden gekocht. De uitbraak kwam eind juni 2024 tot een einde.

4.5 Discussie

In 2024 is het totaal aantal laboratorium-bevestigde salmonellose-patiënten iets hoger dan in 2023, toen het aantal patiënten ook al hoger was dan vóór de COVID-19-pandemie. Opvallend is de sterke toename van *S*. Enteritidis, wat ook in 2023 werd gezien. *S*. Enteritidis heeft pluimvee en met name leghennen als primaire reservoir en infecteert mensen vooral via de consumptie van besmette eieren. Slechts een klein deel van deze algemene verheffing is te verklaren door specifieke puntbron-uitbraken. De algemene verheffing van *S*. Enteritidis wordt gekarakteriseerd door een grote diversiteit aan genotypen en kleine clusters. Dit is indicatief voor een brede en diverse infectiedruk vanuit de primaire productie (leghennen) die sinds medio 2023 sterk is toegenomen en zich reflecteert in de toename in patiënten.

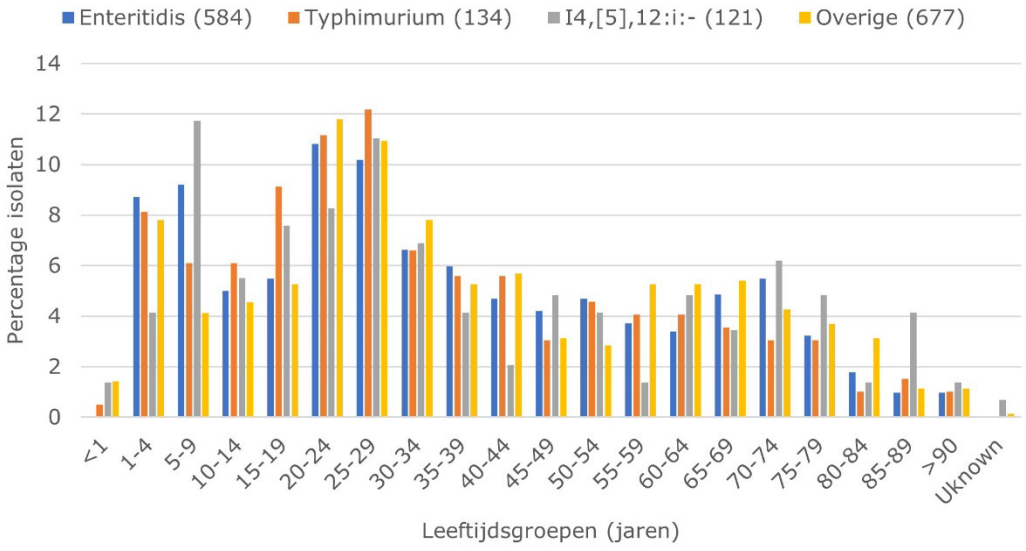
4.6 Tabellen en grafieken

Tabel 4.1 Absolute aantallen Salmonella enterica-isolaten - totaal en per belangrijkste serotype - ontvangen door het RIVM in de humane kiemsurveillance

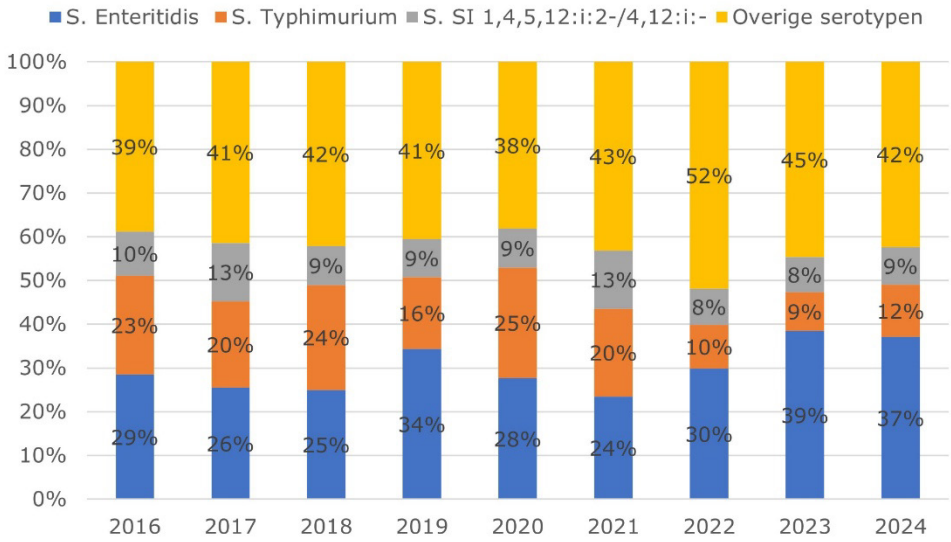
Jaar	2019	2020	2021	2022	2023	2024	Reis (2024)
Totaal aantal	1.233	700	863	1.126	1.516	1.665	17%
Serotypes							
Enteritidis	424	194	203	337	584	619	18%
Typhimurium	202	177	173	112	134	197	7%
1,4,5,12:i:2-	107	62	115	93	121	145	9%
Overige*	500	267	372	584	677	704	21%

Vanaf 2024 wordt enkel het totaal aantal patiënten gerapporteerd waarvoor het RIVM Salmonella-isolaten heeft ontvangen uit alle deelnemende laboratoria in het land. Het aantal ontvangen isolaten door de historische deelnemende streeklaboratoria wordt niet meer gerapporteerd.
* Alle andere serotypes zijn samengevoegd onder 'overige'.

Figuur 4.1 Percentage van het totaal aantal salmonellose gevallen per leeftijdsgroep in 2024



Figuur 4.2 Trend in relatief aandeel S. Enteritidis, S. Typhimurium en monofasische S. Typhimurium als percentage van het totaal aantal in de kiemsurveillance ontvangen isolaten



5 Shigellose

5.1 Hoofdpunten

- In 2024 werden 495 patiënten met shigellose gemeld. Dit is lager dan in 2023, toen met 596 patiënten het hoogste aantal sinds de start van de surveillance in 1988 werd gezien.
- Ongeveer een op de vier shigellose-patiënten (28%) in 2024 betrof MSM.
- In 2024 werden 384 isolaten gesequenced. Het meest opvallend was het opkomen van een subcluster van 24 patiënten in 2024, waarvan de stam ongevoelig bleek voor behandeling met orale antibiotica.

5.2 Achtergrond

Shigellose, ook wel bacillaire dysenterie genoemd, wordt veroorzaakt door een gastro-intestinale infectie met Gram-negatieve, toxine producerende bacteriën van het genus *Shigella*. Mensen zijn het enige natuurlijke reservoir van *Shigella*, dat een van de meest besmettelijke darmbacteriën is [13]. 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 [14]. De infectie begint met waterige diarree, vaak vergezeld met bloed en slijm, mogelijk met koorts en buikkrampen [15]. Braken wordt in mindere mate gezien. De incubatieperiode kan 1 tot 7 dagen duren, maar is meestal 1-3 dagen. De infectie kan ook asymptomatisch verlopen. Het prikkelbare darmsyndroom, 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 voor.

Gedurende 2005-2010 nam de incidentie van shigellose bij mensen die de infectie opliepen in Nederland toe, waarna dit stabiliseerde [14]. De voornaamste reden leek een toename van shigellose onder mannen die seks hebben met mannen (MSM). De hoogste incidentie wordt gevonden onder 1-4-jarigen en 20-39-jarigen. Ongeveer de helft van de infecties wordt opgelopen in het buitenland, vooral in landen met een lage hygiënestandaard. Secundaire transmissie binnen gezinnen of reisgezelschappen komt regelmatig voor.

5.3 Epidemiologische situatie

In totaal werden 495 shigellose-patiënten gemeld in 2024. Dat is lager dan in 2023, toen er 596 patiënten werden gemeld. De toename sinds 2017, onderbroken door afname tijdens de COVID-19-pandemie, lijkt hiermee niet door te zetten (Figuur 1 en Tabel 1). Van de 495 shigellose-patiënten in 2024 hadden 238 (48% van het totaal) de infectie opgelopen in het buitenland. Dat is vergelijkbaar met eerdere jaren, met uitzondering van de periode tijdens de COVID-19-pandemie. De meest genoemde landen van besmetting waren Marokko (n=37), Egypte (n=27), India (n=20), Spanje (n=16), Kaapverdië (n=11) en

Ghana (n=10). Bij 19 patiënten in 2024 was het land van besmetting onbekend.

In 2024 werden 328 mannen (66%) en 167 vrouwen (34%) gemeld met shigellose. Het is gebruikelijk dat shigellose meer voorkomt onder mannen, wat toe te schrijven is aan een verhoogd voorkomen onder MSM. Het percentage patiënten dat MSM betrof was 28 procent, wat in lijn is met pre-COVID-19-jaren 2017-2019 (gemiddeld 20%, spreiding: 17-27%). Net als voorgaande jaren was het percentage MSM onder patiënten die shigellose opliepen in Nederland hoger dan onder patiënten die het opliepen in het buitenland (47% versus 10%).

Zoals gebruikelijk waren de meest gerapporteerde species *S. sonnei* (53%) en *S. flexneri* (40%). *S. boydii* en *S. dysenteriae* werden respectievelijk 21 (4%) en 11 keer (2%) geïdentificeerd.

5.4 Clustering

In april 2022 is een kiemsurveillance voor *Shigella* opgezet, waarvoor medisch microbiologisch laboratoria zijn gevraagd hun uit patiënten geïsoleerde *Shigella*-stammen voor verdere typering via whole genome sequencing (WGS) [16] naar het RIVM op te sturen. 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.

Isolaten worden gekoppeld aan shigellose-meldingen die de GGD in Osiris doet. In 2024 konden 270/384 isolaten (70%) gekoppeld worden aan een Osiris-melding op basis van geslacht, geboortejaar, postcode en datum van ontvangst van het isolaat bij het RIVM. Dit is vergelijkbaar met 75 procent in 2023. Andersom konden aan 267 van de 495 Osiris-meldingen (54%) een isolaat gekoppeld worden, vergeleken met 57 procent in 2023.

In 2024 zijn isolaten van 384 patiënten gesequenced, van wie 256 man (67%) en 115 (30%) vrouw. Bij 13 (3%) was het geslacht onbekend. Van de 384 patiënt-isolaten behoorden er 252 (66%) tot een van de 55 genetische clusters met minimaal twee patiënten. De clusters konden ook patiënten van voorgaande jaren bevatten. De mediane grootte van deze clusters was vier patiënten (spreiding: 2-106). Het grootste cluster (n=106) betrof een multiresistent *S. sonnei*-cluster onder MSM, dat voor het eerst werd gezien in december 2022. Hiervan waren 34 patiënten uit 2024, 70 uit 2023 en twee uit 2022. In dit cluster was 8 procent vrouw (n=8), wat duidt op transmissie van MSM naar de overige populatie. Dit beeld werd ook gezien bij het op een na grootste MSM-cluster met in totaal 71 patiënten, van wie 8 procent vrouw (n=6). 32 patiënten binnen dit cluster werden gezien in 2024. Sinds juni 2024 werd binnen dit cluster een genetisch multiresistent subcluster waargenomen, dat uit 24 patiënten bestond. Deze stam werd ongevoelig bevonden voor alle orale behandelmogelijkheden met antibiotica. Andere clusters met minimaal 10 patiënten in 2024 betroffen drie MSM-clusters met respectievelijk 21, 18 en 13 patiënten, en nog eens 11 patiënten binnen een aan reizen naar Egypte gerelateerd cluster.

5.5 Discussie

Na een sterke toename van het aantal shigellose-patiënten in 2023, wat met 596 patiënten het hoogste jaar was sinds de start van de shigellose-surveillance in 1988, is het aantal gedaald tot 495 in 2024. De helft van de shigellose-infecties in 2024 was onder reizigers en van de in Nederland opgelopen infecties was bijna de helft MSM.

De kiemsurveillance op basis van WGS maakte het mogelijk om te bepalen of patiënten tot eenzelfde cluster behoorden. Daarnaast konden subclusters worden gedefinieerd op basis van hun genetische antimicrobiële resistentieprofiel. Dit leidde tot de identificatie van een multiresistent subcluster waarbij de stam ongevoelig bleek voor alle orale behandelingsmogelijkheden, wat bevestigd kon worden met het fenotypische resistentieprofiel. Ook andere landen zagen patiënten binnen dit cluster, voornamelijk onder MSM, waarvan 268 in het Verenigd Koninkrijk, 234 in de Verenigde Staten, 75 in België, 19 in Ierland, 13 in Noorwegen, 9 in Duitsland, 8 in Frankijk en 4 in Denemarken [17].

Hoewel het aantal patiënten in 2024 lager was dan in 2023, blijkt het van belang om de toename van multiresistente *Shigella*-stammen in Nederland te monitoren.

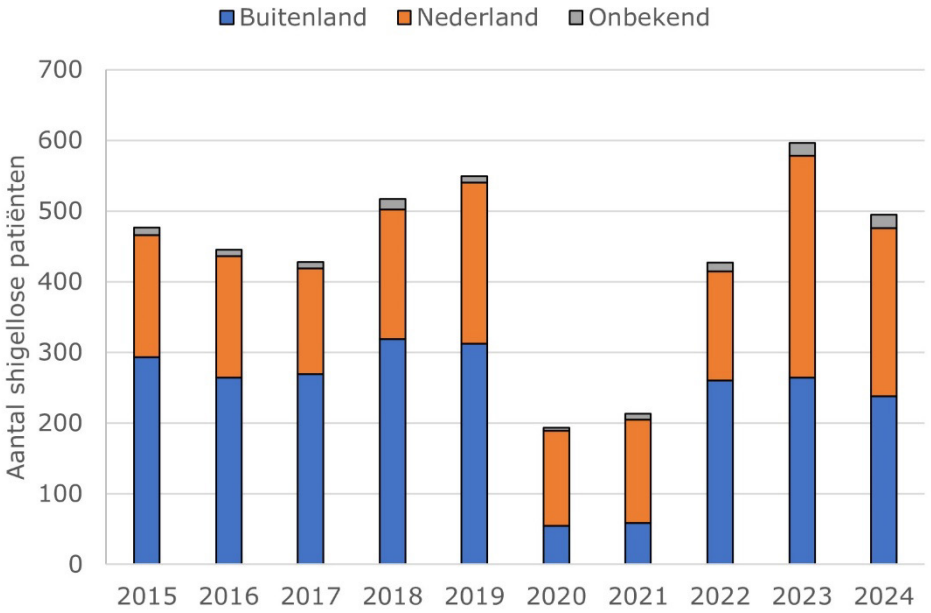
5.6 Tabellen en figuren

Tabel 5.1 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met shigellose, 2020-2024

	2020 N (%)	**2021 N (%)**	**2022 N (%)**	**2023 N (%)**	**2024 N (%)**
Totaal	**193**	**213**	**427**	**596**	**495**
Man	141 (73)	156 (73)	249 (58)	373 (63)	328 (66)
MSM*	68 (35)	57 (27)	84 (20)	139 (23)	138 (28)
Serotype *sonnei*	99 (51)	90 (42)	267 (63)	418 (70)	262 (53)
Serotype *flexneri*	84 (44)	107 (50)	119 (28)	156 (26)	200 (40)
Serotype *boydii*	8 (4)	9 (4)	15 (4)	10 (2)	21 (4)
Serotype *dysenteriae*	1 (1)	2 (1)	13 (3)	6 (1)	11 (2)
Serotype onbekend	1 (1)	5 (2)	13 (3)	5 (1)	0
Reis-gerelateerd	55 (28)	59 (28)	260 (61)	264 (44)	238 (48)

* MSM = Mannen die seks hebben met mannen.

Figuur 5.1 Aantal meldingen van patiënten met shigellose naar jaar en land van besmetting, 2015-2024



6 STEC-infecties

6.1 Hoofdpunten

- In 2024 werden 645 personen met een STEC-infectie gemeld. Dit komt neer op 35,9 STEC-patiënten per miljoen inwoners. Dit is het hoogste aantal meldingen en incidentie sinds de laatste wijziging van de meldingscriteria in 2016.
- Van 274/645 STEC-patiënten heeft het RIVM een positief fecesmonster of isolaat ontvangen. Hiervan konden 80 niet worden gekweekt of bevestigd worden als STEC. De meest gevonden serotypen waren O157 (n=58), O26 (n=22), O145 (n=22), O103 (n=21) en O71 (n=10).
- Elf patiënten ontwikkelden het hemolytisch-uremisch-syndroom (HUS; 1,7%), waaronder een met STEC O157 (1/58; 2%), twee met een andere STEC non-O157 (2/114; 2%) en acht waarvan geen isolaat beschikbaar was (8/451; 1,8%). Dit is qua absolute aantallen vergelijkbaar met de periode 2020-2023 (8-25 HUS-gevallen), maar lager wat betreft percentage (2,5-5,2%).
- Eén patiënt (0,2%) overleed direct of indirect aan de gevolgen van de STEC-infectie. Het betrof een volwassene ouder dan 65 jaar, zonder een beschikbaar isolaat.
- Op basis van Whole Genome Sequencing werden in totaal 33 clusters met 83 van de 194 humane STEC-isolaten uit 2024 geïdentificeerd. Er waren vijf clusters met vijf tot acht patiënten uit 2024 (totale grootte van deze clusters: 5-23 zieken). Dit betroffen clusters met de O-types O2/O50, O103, O145 en O157 (2 clusters).

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 is toe te schrijven aan runderen als reservoir en dat ongeveer een kwart van de infecties is toe te schrijven aan schapen en geiten [18]. Varkens en pluimvee zijn kleinere reservoirs van STEC. STEC-infecties komen vaak door consumptie van besmet voedsel, maar transmissie via het milieu lijkt ook belangrijk [18, 19]. Daarnaast worden STEC-infecties regelmatig in het buitenland opgelopen en kan de ziekteverwekker van persoon-op-persoon worden overgedragen.

Infecties met STEC kunnen asymptomatisch verlopen, maar kunnen ook leiden tot milde tot ernstige (bloederige) diarree [20]. Gemiddeld ontwikkelt 2 tot 7 procent van de met STEC geïnfecteerde personen HUS, bestaande uit hemolytische anemie, trombocytopenie en acute nierinsufficiëntie. Acute STEC-infecties zijn meldingsplichtig onder de Wet publieke gezondheid (Wpg). Dit 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. Daarbij is de focus van de meldingsplicht beperkt tot acute infecties met minimaal symptomen van diarree, bloed in de ontlasting en/of braken [21]. Deze wijzigingen leiden ertoe dat de infecties met langdurige, vaak milde symptomen en (mogelijke) toevalsbevindingen niet langer meldingsplichtig zijn. Nadeel hiervan is dat er een trendbreuk in het aantal STEC-meldingen is ontstaan. Binnen de surveillance kunnen STEC-isolaten naar het RIVM worden gestuurd, waarna typering plaatsvindt. Sinds 2017 vinden typering en karakterisatie geheel plaats door middel van whole genome sequencing (WGS). In 2024 is gestart met de mogelijkheid voor laboratoria die niet zelf meer kweken om STEC-positieve fecesmonsters in te sturen. Het verder opwerken en kweken gebeurt dan bij het RIVM, waarna het verkregen isolaat getypeerd en gekarakteriseerd wordt.

6.3 Epidemiologische situatie

In 2020 daalde het aantal patiënten met een STEC-infectie naar 323 meldingen. Sindsdien is het aantal meldingen gestegen, met in 2024 het hoogste aantal (n=645) sinds de aanscherping van de meldingscriteria in juli 2016 (zie Figuur 6.1, Tabel 6.1). Van 371 patiënten in 2024 werd geen positief fecesmonster of isolaat ingestuurd. Van 274/645 STEC-patiënten heeft het RIVM een positief fecesmonster of isolaat ontvangen. Van 80/274 patiënten kon de infectie niet worden bevestigd met behulp van het ingestuurde positieve fecesmonster of isolaat.

In totaal werden in 2024 36 verschillende O-types gevonden.

- Het aantal STEC O157-infecties (n=58) is vergelijkbaar met 2021 (n=55), maar een daling ten opzichte van 2022 (n=71) en 2023 (n=70). Procentueel - ten opzichte van het aantal meldingen met typeringsresultaten - zijn er minder STEC O157-infecties in 2024 (30%) in vergelijking met 2020-2023 (35-43%; zie Figuur 6.2).
- Het aantal STEC O26-infecties (n=22; 11%) is vergelijkbaar met 2021 (n=22; 14%) en 2022 (n=19; 11%), maar gedaald ten opzichte van 2023 (n=28; 17%).
- Het aantal overige STEC non-O157 (n=114; 59%) is sterk gestegen ten opzichte van 2021-2023 (n=68-80; 41-51%). Binnen de overige STEC non-O157 werd STEC O145 (n=22; 11%) het meest gezien, gevolgd door STEC O103 (n=21; 11%) en STEC O71 (n=10; 5%).

Over de periode 2020-2024 waren na O157 (n=290; 37%) en O26 (n=104; 13%), O103 (n=60; 8%), O145 (n=51; 7%), O146 (n=30; 4%), en O111 en O63 (beide n=26 en 3%) de vijf meest gevonden O-types.

De STEC O157-isolaten hadden zowel een *stx1*- als een *stx2*-gen (55%) of alleen een *stx2*-gen (45%). Bij STEC O26 kwam alleen het *stx2*-gen (59%) het meest voor, gevolgd door *stx1* + *stx2* (23%) of alleen *stx1* (18%). Alle 58 STEC O157- en 22 STEC O26-isolaten hadden het *eae*-aanhechtingsgen. Bij de overige STEC non-O157-isolaten (n=114) was de verdeling: 31 procent *stx2* en *eae* (waarvan 9 *stx2f*), 28 procent *stx1*

en *eae*, 18 procent *stx1+2* en *eae*, 15 procent *stx2* zonder *eae*, 5 procent *stx1+2* zonder *eae* en 3 procent *stx1* zonder *eae*.
Iets minder mannen (42%) dan vrouwen werden gediagnosticeerd met een STEC-infectie, vergelijkbaar met voorgaande jaren (zie Tabel 6.1). Van de STEC O157-patiënten werd 24 procent opgenomen in een ziekenhuis (25-40% in 2020-2023) ten opzichte van 38 procent van de STEC O26-patiënten (33-54% in 2020-2023), 30 procent van de overige STEC non-O157-patiënten (21-29% in 2020-2023) en 25 procent van de patiënten van wie geen isolaat of typering beschikbaar was (24-35% in 2020-2023). HUS werd gemeld voor 11 patiënten (1,7%), onder wie vijf kinderen in de leeftijd 0-6 jaar, twee tieners, een dertiger en drie 75+'ers. Het aantal HUS is daarmee vergelijkbaar met de voorgaande jaren (8-25 gevallen), maar is procentueel lager (2,5-5,2%; Tabel 6.1). Eén HUS-patiënt had een STEC O157-infectie (een kind), een kind met HUS had een STEC O111-infectie en een tiener een STEC O153-infectie. Bij de overige HUS-patiënten was geen isolaat beschikbaar (drie kinderen, een tiener en de vier volwassenen). Eén volwassene (65+ jaar) is overleden als gevolg van de STEC-infectie, zonder beschikbaar isolaat voor verdere typering. Bloed in de ontlasting komt aanmerkelijk vaker voor bij STEC O157-infecties (2020-2024: 66-83%) ten opzichte van STEC O26 (25-68%), overige STEC non-O157-infecties (29-50%), of van infecties waarvan geen isolaat beschikbaar was (34-38%). In 2024 werden de meeste infecties van STEC O157 in de leeftijdsgroep 20-29 jaar (28%) en van STEC O26 in de leeftijdsgroepen 0-4 jaar (14%) en 30-39 jaar (23%), terwijl er geen duidelijke leeftijdsgroep geassocieerd was met infecties met overige STEC non-O157, of waarvan geen isolaat beschikbaar was (zie Figuur 6.2).

Het percentage patiënten dat meldde de infectie meest waarschijnlijk in het buitenland te hebben opgelopen (24%; 147/620), was in 2024 vergelijkbaar met 2022 en 2023 (22-23%; zie Tabel 6.2). De reis-gerelateerde infecties in 2024 werden opgelopen in Afrika (45%), Azië (29%), Europa (20%), en Noord- (2%) Midden- (3%) of Zuid-Amerika (1%). De meest genoemde landen waren Egypte (n=30), Turkije (n=22), Marokko (n=11) en Indonesië (n=10); over de periode 2020-2024 bestond de top drie van genoemde landen uit Egypte (91/453; 20%), Turkije (76/453; 17%) en Marokko (30/453; 7%).

In 2024 consumeerde 95 procent (414/435) van de personen die de infectie in Nederland had opgelopen vlees en had 46 procent (187/407) rauw of niet geheel gaar vlees gegeten. Verder had 6 procent (25/415) rauwe melk gedronken. Ruim de helft van de mensen (56%; 246/439) had in de week voor het ziek worden contact gehad met dieren, wat voornamelijk huisdieren betrof (51%; 223/439), en 4 procent (18/439) had contact gehad met landbouwhuisdieren. Van 60 personen (n=413; 15%) was bekend dat ze immunosuppressiva gebruikten, 99 personen (24%) slikten maagzuurremmers en 38 (9%) cholesterolverlagers. Ongeveer de helft van de patiënten had een of meer onderliggende ziekten.

6.4 Clustering

De beschikbare isolaten geïsoleerd uit patiënten en 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 3.154 allelen. Een cluster werd gedefinieerd als minimaal twee isolaten met maximaal zeven allelen verschil.

In totaal werden 33 clusters (negen O-types) met 83 van de 194 beschikbare humane isolaten uit 2024 geïdentificeerd, met daarin een niet-humaan isolaat uit 2021 en 43 humane isolaten uit 2018-2023.

- De clusters met de O-types O5 (n=1), O26 (n=7), O71 (n=3), O111 (n=1) en O125 (n=2) bestonden uit 1-3 isolaten uit 2024 en in totaal uit twee of drie isolaten per cluster.
- Er was een O2/O50-cluster, met in totaal vijf patiënten in januari-april en september 2024 en verspreid over Nederland. Tussen de eerste ziektedagen zat steeds minimaal twee weken. Osiris-gegevens over blootstelling aan mogelijke risicofactoren waren maar beschikbaar voor drie patiënten.
- Er waren drie O103-clusters, waarvan één met twee patiënten in 2024 en één met twee patiënten in 2024 en een in 2020. Het derde cluster omvatte zeven patiënten in 2024 en een niet-humaan isolaat uit 2021. Zes patiënten werden in een tijdsperiode van twee weken ziek, de zevende drie maanden later. Ze woonden verspreid over Nederland, maar met een meerderheid in oostelijk Nederland. Aan de hand van de Osiris-melding komt geen duidelijke bron naar voren.
- Er werden in totaal vijf O145-clusters gedetecteerd in 2024. Vier daarvan bestonden uit twee of drie patiënten van wie een of twee uit 2024. Het vijfde cluster bestond uit negen patiënten, waarbij één patiënt die ziek werd in juli 2023, zes in een periode van drie weken in augustus-september 2024 en tot slot een in oktober en een in november 2024. Ze woonden verspreid over Nederland. Aan de hand van de Osiris-melding komt geen duidelijke bron naar voren.

De meeste clustering werd gezien binnen O157. 28 van de 58 O157-patiënten in 2024 behoorden tot een cluster. In totaal waren er tien clusters, waarvan zeven met een of twee patiënten in 2024 met een totale grootte van het betreffende cluster van twee tot zeven patiënten. Het achtste cluster bestond uit zes patiënten: vier in 2024 en een patiënt uit 2022 en 2023. Negen patiënten met eerste ziektedagen in augustus-november 2023 (n=3), maart 2024 (n=1), september-oktober 2024 (n=3) en december 2024 (n=2), vormen samen het negende O157-cluster. Ze wonen verspreid over vier GGD-regio’s, voornamelijk in Oost- en Zuid-Nederland. Aan de hand van de Osiris-melding komt geen duidelijke bron naar voren. En het laatste cluster omvatte naast zes patiënten in 2024, een patiënt uit 2021, vijftien uit 2022 en één werd ziek in augustus 2023. In 2022 werd op basis van de gegevens uit Osiris en de extra vragenlijst geconcludeerd dat rundvlees, met name filet américain, gehakt en hamburger, de meest waarschijnlijke bron was. Tracering door de NVWA leverde geen eenduidige producent of productielocatie op. In februari (n=1) en mei 2024 (n=5) werden opnieuw personen ziek, waarbij de uitbraakstam van 2022 werd aangetoond. Op basis van de beschikbare gegevens, waarbij gebruik is gemaakt van dezelfde extra vragenlijst, kon geen epidemiologische link met de eerdere uitbraak of mogelijke bron gelegd worden.

6.5 Discussie

Sinds 2021 is er een toename in het aantal in Nederland opgelopen STEC-infecties. Het aantal reis-gerelateerde infecties was toen nog laag door de coronapandemie. In 2022 en 2023 was het aantal meldingen weer verder gestegen, maar dan voornamelijk de reis-gerelateerde infecties, die in aantal weer op het niveau van vóór de pandemie kwamen. In 2024 waren er zowel meer meldingen van in Nederland als in het buitenland opgelopen infecties. Daarmee is het aantal STEC-infecties in 2024 het hoogst sinds de aanscherping van de meldingscriteria in juli 2016. De oorzaak van het hogere aantal infecties is echter onduidelijk. Opvallend daarbij is dat het aantal STEC O157 en O26 relatief stabiel bleef over deze jaren en de stijging dus vooral in het aantal meldingen zonder getypeerd isolaat en overige STEC-infecties te zien was.

In de periode 2020-2023 kon aan 33-37 procent van de meldingen een isolaat gekoppeld worden. In 2024 werd het voor de laboratoria mogelijk om in plaats van een isolaat een positief fecesmonster in te sturen, als ze zelf niet kweekten. Dit leidde tot een koppelingspercentage van 42 procent. Net zoals het niet altijd lukt om een ingestuurd isolaat als STEC te bevestigen, is het ook lastig om STEC te kweken. Het percentage meldingen waarbij ook een isolaat getypeerd kan worden, bleef stabiel in deze periode met 29-33 procent. Door de stijging van het aantal meldingen in 2024, betekende dit wel dat er in absolute aantallen wel meer isolaten getypeerd werden, wat vooral non-O157- en non-O26-types waren.

Er werden vijf clusters met 5 tot 23 zieken gedetecteerd, waarvan 5 tot 8 zieken in 2024. In geen van deze clusters werd een duidelijke bron gevonden. Aangezien maar van een deel van de gemelde patiënten een isolaat beschikbaar is, bestaat de kans dat het beeld incompleet is en bemoeilijkt dat het uitbraakonderzoek.

6.6 Tabellen en figuren

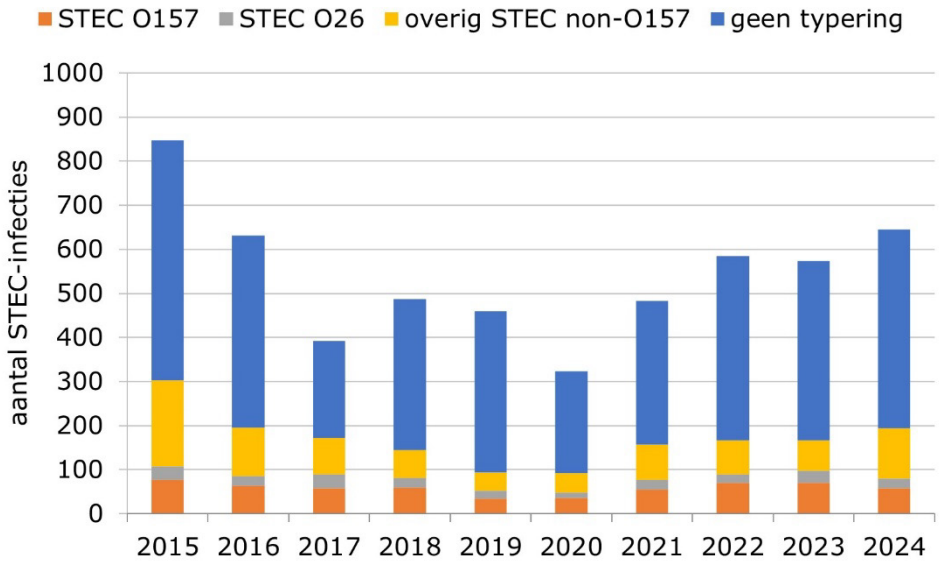
Tabel 6.1 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met een STEC-infectie, 2020-2024

	2020	2021	2022	2023	2024
Totaal	**323**	**483**	**585**	**573**	**645**
STEC O157	36	55	71	69	58
STEC O26	13	22	19	28	22
Overig STEC non-O157	44	80	77	68	114
Geen isolaat	230	326	418	407	451
Man	142 (44%)	211 (44%)	266 (45%)	253 (44%)	272 (42%)
Leeftijd mediaan (spreiding)	41 (0-94)	40 (0-99)	41 (0-97)	44 (0-96)	49 (0-100)
Ziekenhuisopname	109 (34%)	142 (30%)	140 (25%)	156 (28%)	164 (26%)
Ziekenhuisopname: O157	13 (36%)	22 (40%)	17 (25%)	18 (26%)	14 (24%)
Ziekenhuisopname: O26	7 (54%)	8 (36%)	9 (47%)	9 (33%)	8 (38%)
Ziekenhuisopname: Non-O157	9 (21%)	23 (29%)	19 (25%)	14 (21%)	33 (30%)
Ziekenhuisopname: Geen typering	80 (35%)	89 (28%)	95 (24%)	115 (29%)	109 (25%)
HUS	8 (2,5%)	25 (5,2%)	16 (2,8%)	21 (3,7%)	11 (1,7%)
HUS: O157	0	4	3	3	1
HUS: O26	2	1	3	2	0
HUS: overig non-O157	1	5	2	2	2
HUS: geen typering	5	15	8	14	8
Overleden	2 (0,6%)	2 (0,4%)	4 (0,7%)	5 (0,9%)	1 (0,2%)

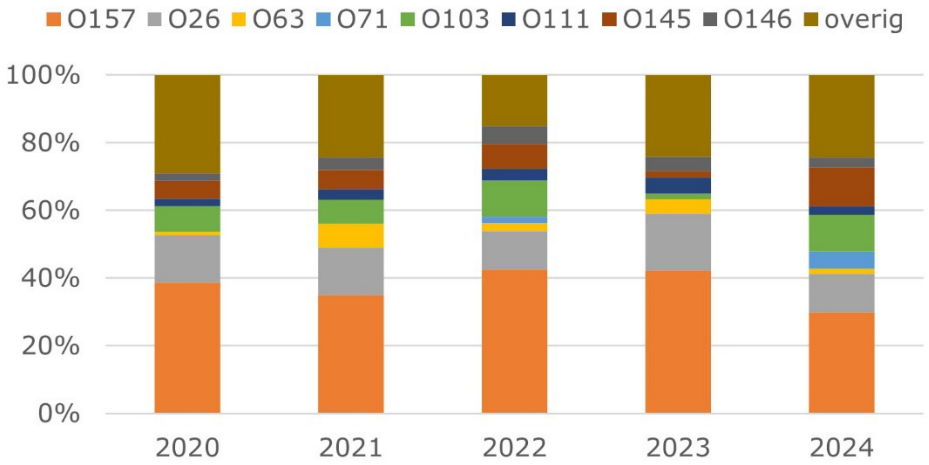
Tabel 6.2 Reis-gerelateerde STEC-infecties naar continenten, 2020-2024

	2020	2021	2022	2023	2024
Buitenland	21/315 (7%)	33/470 (7%)	124/555 (22%)	128/550 (23%)	147/620 (24%)
Europa	6 (29%)	14 (42%)	22 (18%)	16 (13%)	29 (20%)
Afrika	4 (19%)	4 (12%)	53 (43%)	51 (40%)	66 (45%)
Azië	9 (43%)	11 (33%)	35 (28%)	49 (38%)	43 (29%)
Noord-Amerika	1 (5%)	3 (9%)	5 (4%)	2 (2%)	3 (2%)
Midden-Amerika	0	1 (3%)	4 (3%)	5 (4%)	4 (3%)
Zuid-Amerika	1 (5%)	0	5 (4%)	4 (3%)	2 (1%)
Oceanië	0	0	0	1 (1%)	0

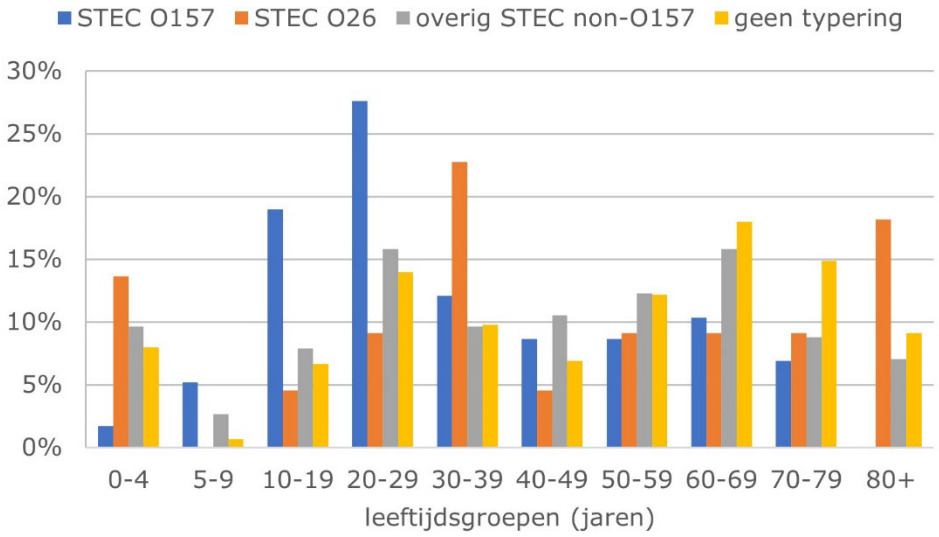
Figuur 6.1 Aantal gerapporteerde patiënten met een STEC-infectie naar typering, 2015-2024. In juli 2016 heeft er een wijziging in de meldingscriteria plaatsgevonden



Figuur 6.2 Aandeel van de O-types gevonden bij patiënten met een STEC-infectie en een beschikbaar isolaat, met onderscheid naar O157, O26 en de vijf overige meest voorkomende O-types, 2020-2024



Figuur 6.3 Leeftijdsverdeling binnen de STEC-infecties onderverdeeld naar STEC O157, STEC O26, overig non-O157, en geen O-typering bekend



7 Listeriose

7.1 Hoofdpunten

- In 2024 werden 115 personen met listeriose gemeld (6,4 patiënten per miljoen inwoners), onder wie negen zwangeren. Het aantal meldingen is daarmee hoger dan het mediane aantal meldingen in de periode 2015-2023 (n=95), maar vergelijkbaar met eerdere pieken in 2017 (n=115) en 2019 (n=117).
- Tien volwassen patiënten (9%) overleden direct of indirect aan de gevolgen van de infectie. Drie baby's werden doodgeboren of overleden kort na de geboorte. Twee baby's werden te vroeg geboren.
- Op basis van whole genome sequencing (WGS) werden 38 clusters geïdentificeerd met een tot drie isolaten uit 2024 met in totaal 54 van de 104 humane isolaten uit 2024; 25 van de 38 clusters bevatten ook niet-humane isolaten.
- Drie clusters betroffen grotere clusters uit eerdere jaren, gerelateerd aan visproductielocaties, die met 1-3 isolaten groeiden. Daarnaast was er één cluster met in totaal vier patiënten, van wie drie in 2024, die gerelateerd kon worden aan gerookte paling.

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 0ºC). *L. monocytogenes* kunnen daarnaast goed overleven op een vaste ondergrond in biofilms. Biofilms kunnen ontstaan in productieomgevingen, vooral op plaatsen die moeilijk te reinigen en desinfecteren zijn. Vanuit deze productieomgeving kan voedsel weer besmet raken. Voedselproducten waarvan bekend is dat ze besmet kunnen zijn en mensen kunnen infecteren, zijn onder andere (rauwmelkse) kazen, vleeswaren, rauwe, gerookte of gemarineerde vis en kant-en-klare producten, zoals sandwiches en voorverpakte salades [22, 23].

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 [22, 24]. 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 [4, 25].

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 voor clusterdetectie en bronopsporing.

7.3 Epidemiologische situatie

In 2024 werden 115 patiënten met listeriose gerapporteerd. Hiervan werden 110 patiënten via Osiris gemeld (van 99 patiënten is ook een isolaat naar het Nederlands Referentie Laboratorium voor Bacteriële Meningitis (NRLBM) gestuurd) en van vijf patiënten is alleen een isolaat ingestuurd. De incidentie van listeriose kwam daarmee op 6,4 patiënten per miljoen inwoners (zie Figuur 7.1). De incidentie, berekend over 2020-2024, 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 2024 was 69,5 jaar (range 1-97 jaar) en 47 procent van de patiënten was man (zie Tabel 7.1). Negen patiënten (6%) waren zwanger tijdens de *Listeria*-infectie; vier baby's zijn levend geboren, onder wie in ieder geval twee prematuur. Drie baby's werden doodgeboren of overleden kort na de geboorte. Eén zwangere was nog zwanger tijdens de infectie en van een zwangerschap is de afloop onbekend. Van de 108 volwassen patiënten waarvoor dit bekend was, werden er 107 opgenomen in het ziekenhuis (99%). Van 107 (volwassen) patiënten van wie het beloop van de infectie bekend was, zijn er 10 overleden (9%) met een mediane leeftijd van 82 jaar (range 69-91 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 2009-2024 stierf gemiddeld 12 procent van de gemelde volwassen patiënten.

De meest voorkomende ziektebeelden, zoals gemeld tijdens de diagnose, waren meningitis, sepsis en maag-darminfectie (zie Figuur 7.3). Sepsis werd het meest gemeld (31/109 patiënten; 28%), gevolgd door meningitis (28/109 patiënten; 26%) en maag-darminfectie (16/109 patiënten; 15%). In voorgaande jaren werd longontsteking ook regelmatig genoemd, maar deze diagnose is in de afgelopen paar jaar steeds minder vaak gemeld. In 2024 waren er zelfs meer meldingen van encefalitis (n=4; 4%) dan longontsteking (n=3; 3%). Endocarditis werd bij twee (2%) patiënten gediagnosticeerd. Er kunnen meerdere diagnoses per patiënt gemeld worden.

Mensen met onderliggend lijden en/of medicijngebruik hebben een verhoogd risico op listeriose. In 2024 hadden zes patiënten (6%) geen onderliggend lijden en gebruikten zij geen immunosuppressiva of maagzuurremmers. Opvallend daarbij was dat dit onder andere een peuter, een dertiger en een veertiger betrof. Maagzuurremmers werden door 58 procent van de listeriose-patiënten gebruikt en 37 procent slikte immunosuppressiva. De meest genoemde onderliggende ziekten in 2024

waren hartziekten (23%), kanker (21%) en diabetes (21%). Gebruik van immuunsuppressiva werd vooral gemeld ter behandeling van reuma en kanker.

Van 104 patiënten werd het isolaat door het NRLBM geserotypeerd. De meeste isolaten waren afkomstig uit bloed (81%), liquor (11%), of zowel bloed als liquor (6%). De overige isolaten waren afkomstig uit een hersenabces, weefsel en niet verder gespecificeerd. *L. monocytogenes* serotype 4b werd bij 61 procent van de patiënten geïsoleerd en was daarmee het meest voorkomende serotype, gevolgd door 1/2a (25%) en 1/2b (11%) (zie Figuur 7.4). De overige serotypen waren 1/2c (n=2), 4 (n=1) en 4a (n=1).

7.4 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 1.703 allelen [26]. Een cluster is gedefinieerd als een groep isolaten, waarbij minimaal twee isolaten maximaal zeven allelen van elkaar verschillen. In totaal werden 38 clusters geïdentificeerd die 54 van de 104 humane isolaten uit 2024 bevatten. Het aantal humane isolaten uit 2024 per cluster was een (27 clusters), twee (6 clusters) en maximaal drie (5 clusters). Van de 38 clusters bevatten 25 clusters minimaal een niet-humaan isolaat. Noemenswaardige clusters waren:

- Drie clusters uit voorgaande jaren waarbij de besmetting gerelateerd is aan locaties waar vis verwerkt wordt, groeiden in 2024 met 1-3 humane isolaten (totaal 6 isolaten).
- Een nieuw cluster met één isolaat in 2023 en drie in 2024 werd geïdentificeerd, waarbij bij een patiënt een restant gerookte paling ook positief testte, met eenzelfde stam. In de WGS-database zat daarnaast een positief omgevingsmonster die van de productielocatie van de betreffende paling bleek te komen.

7.5 Discussie

Het aantal listeriose-meldingen was in 2024 met 115 patiënten hoger dan het mediane aantal meldingen in de periode 2015-2023 (n=95), maar vergelijkbaar met eerdere pieken in 2017 (n=115) en 2019 (n=117).

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 een groot deel van de clusters is samengesteld uit isolaten uit meerdere jaren. Er waren in 2024 drie clusters met nieuwe patiënten die gerelateerd waren aan persistente besmettingen op visproductielocaties. Daarnaast was er één nieuw cluster dat ook gerelateerd kon worden aan een visproductielocatie. In 2024 is er maar een veiligheidswaarschuwing uitgegaan voor mogelijke besmetting met *Listeria*, te weten voor geitenkaas (zie https://www.nvwa.nl/onderwerpen/veiligheidswaarschuwingen). De recall was uit voorzorg, waarbij voor zover bekend de betreffende kaas geen zieken heeft veroorzaakt. Publiekelijke veiligheidswaarschuwingen

en recalls worden alleen gedaan als de mogelijkheid bestaat dat het product nog op de markt is en/of bij de consument thuis aanwezig kan zijn.

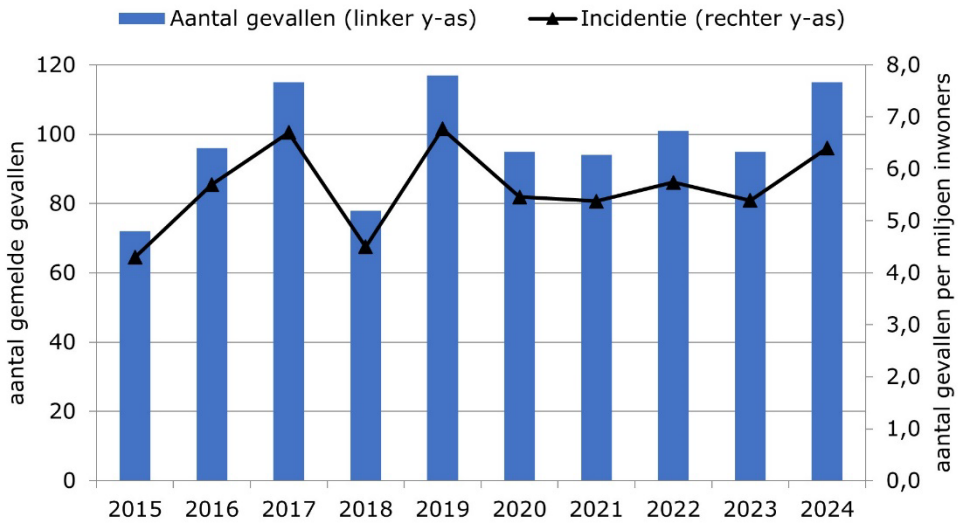
Het aantal en percentage zwangeren varieerde tussen 2009 en 2023 met een tot 12 zwangeren en 1-13% van alle meldingen per jaar. In 2024 werd listeriose bij in totaal negen zwangeren (9%) gemeld. De ziektelast in deze groep was daarbij hoog met twee prematuur geboren baby's en drie overleden baby's. Het aantal overleden volwassen patiënten (n=10; 9%) was in 2024 vergelijkbaar met de 4-19 (5-22%) overledenen per jaar in de periode 2009-2023.

7.6 Tabellen en figuren

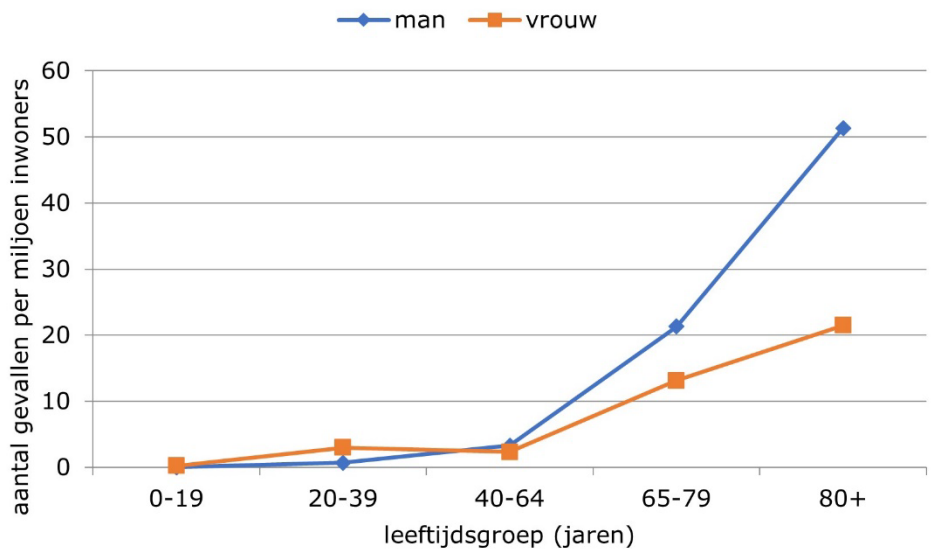
Tabel 7.1 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met listeriose, 2020-2024

	2020	2021	2022	2023	2024
Totaal	**95**	**94**	**102**	**95**	**115**
Osiris-melding + isolaat	81 (85%)	79 (84%)	85 (83%)	89 (94%)	99 (86%)
Alleen Osiris-melding	12 (13%)	14 (15%)	15 (15%)	5 (5%)	11 (10%)
Alleen isolaat	2 (2%)	1 (1%)	2 (2%)	1 (1%)	5 (4%)
Man	59 (62%)	50 (53%)	64 (63%)	55 (58%)	54 (47%)
Zwanger	1 (1%)	12 (13%)	8 (8%)	6 (6%)	9 (8%)
Leeftijd mediaan (spreiding)	75 (29-98)	75 (27-95)	75 (28-94)	70 (23-93)	70 (1-97)
Overleden	19/91 (21%)	11/94 (12%)	12/97 (12%)	14/92 (15%)	10/107 (9%)
Leeftijd overlijden mediaan (spreiding)	83 (38-98)	81 (56-87)	77 (60-94)	83 (57-87)	82 (69-91)

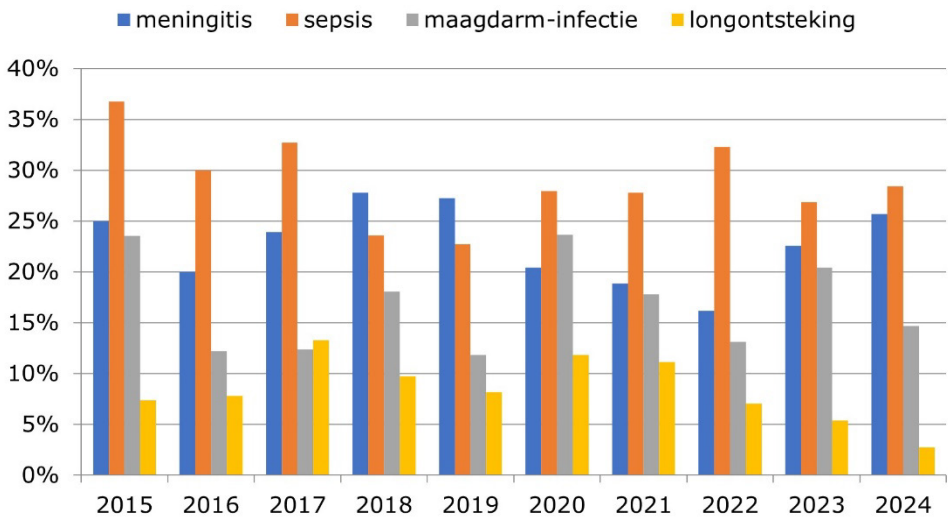
Figuur 7.1 Aantal gerapporteerde patiënten met een L. monocytogenes-infectie met bijbehorende incidentie, 2015-2024



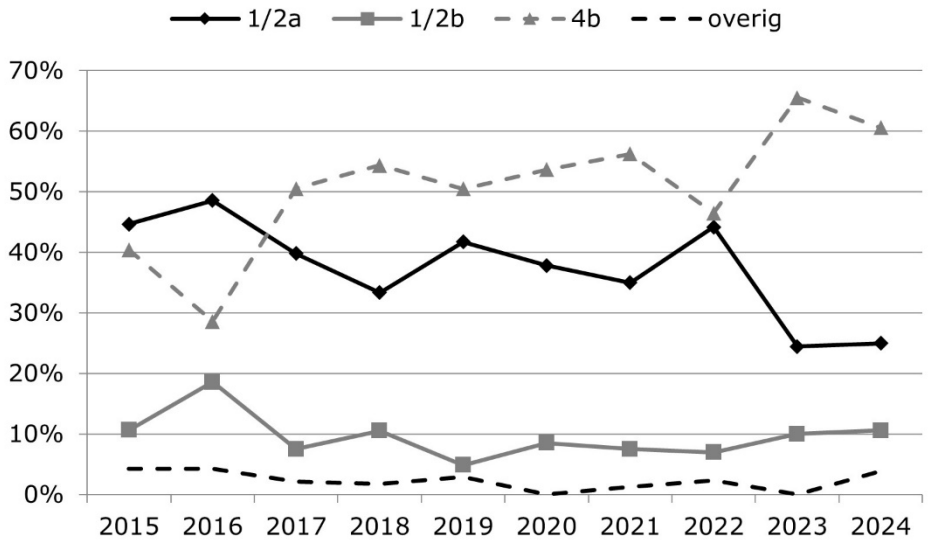
Figuur 7.2 Incidentie van listeriose per miljoen inwoners, per leeftijdsgroep (jaren) en geslacht, 2020-2024



Figuur 7.3 Verdeling van vier belangrijkste ziektebeelden van listeriose, 2015-2024



Figuur 7.4 Serotypering van de humane isolaten, 2015-2024



8 Hepatitis A

8.1 Hoofdpunten

- In 2024 werden 238 personen met hepatitis A gemeld. Dat komt neer op 13,26 patiënten per miljoen inwoners. Dit is een sterke stijging ten opzichte van 2022 en 2023.
- Van 198 patiënten werd materiaal ingestuurd voor verdere typering. Genotype I.B werd het meest gezien, nauw opgevolgd door genotype I.A.
- Voor zover bekend is geen van de gemelde patiënten aan hepatitis A overleden.
- In 2024 behoorden 175 van 238 patiënten tot een epidemiologisch en/of microbiologisch cluster: 26 epidemiologische clusters met in totaal 92 patiënten en 45 microbiologische clusters met in totaal 153 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 [27]. De mens vormt het reservoir, waarbij HAV naast direct van mens-op-mens ook indirect via voedsel of oppervlakken overdraagbaar is.

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 [27]. 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. Eind maart 2024 zijn de meldcriteria voor HAV aangepast. Voorheen voldeden asymptomatische personen niet aan de meldplicht. Door deze wijziging kunnen ook asymptomatische gevallen gemeld worden.

8.3 Epidemiologische situatie

8.3.1 Mens

In 2024 werden 238 patiënten met hepatitis A gemeld. Dat staat gelijk aan een incidentie van 13,26 patiënten per miljoen inwoners (zie Figuur 8.1). Het aantal gemelde patiënten is daarmee ten opzichte van 2023 (153 patiënten) met 56 procent toegenomen. 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 [28, 29]. Daarna daalde het aantal meldingen in 2018 en 2019 weer langzaam. In 2020 werd een historisch laag aantal patiënten gemeld, met slechts 50 meldingen. In de periode 2021-2023 nam het aantal HAV-meldingen toe, een trend die zich in 2024 voortzette. In 2024 lag de incidentie (13,26 patiënten per

miljoen inwoners) hoger dan de gemiddelde incidentie in de jaren vóór de uitbraak in 2017 (2012-2016, gemiddelde: 5,9 patiënten per miljoen inwoners (zie Figuur 8.1).

In 2024 werd van 83 procent van de patiënten materiaal ingestuurd voor verdere typering (zie Tabel 8.1). Binnen de groep met een beschikbaar isolaat kwam genotype I.B (49%) iets vaker voor dan genotype I.A (40%). Dit is vergelijkbaar met 2023, toen genotype I.B (48%) ook iets vaker gezien werd dan genotype I.A (40%). In de periode 2020-2024 liep het aandeel genotype I.B van 35 procent in 2020 op naar 49 procent in 2024. Voor genotype I.A werd het omgekeerde gezien van 54 procent in 2020 naar 40 procent in 2024. Genotype I.A werd in 2024 vooral gezien bij infecties die in het buitenland (33%) waren opgelopen, waarvan de oorzaak vaak onbekend was (26%), of die via voedsel werden overgedragen (23%). Genotype I.B werd het meest gezien bij infecties waarvan de oorzaak onbekend was (26%), gevolgd door infecties die in het buitenland waren opgelopen (23%) of bij secundaire patiënten (22%). Secundaire patiënten zijn personen die ziek worden na contact met een andere hepatitis A-patiënt met een minimum van een week tussen de betreffende eerste ziektedagen.

In 2024 werden meer mannen (n=134) dan vrouwen (n=104) gediagnosticeerd met hepatitis A, wat in de meeste voorgaande jaren ook het geval was (zie Tabel 8.1). Van de patiënten werd 25 procent opgenomen in een ziekenhuis, wat vergelijkbaar is met 22-35 procent in de jaren 2020-2023. In de afgelopen vijf jaar is voor zover bekend niemand aan hepatitis A overleden. De mediane leeftijd van de gemelde patiënten is 29 jaar, wat vergelijkbaar is met de jaren 2020-2023 (spreiding: 23-37). Daarnaast was 61 procent van de patiënten tussen de 5-39 jaar oud, wat vergelijkbaar is met 47-72% in de jaren 2020-2023 (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 80 gevallen zeer waarschijnlijk in het buitenland opgelopen (zie Tabel 8.2). Het aandeel van in het buitenland opgelopen infecties (34%) is daarmee wat lager dan in 2023 (41%). Het aandeel in het buitenland opgelopen infecties is vergelijkbaar met de jaren vóór de coronapandemie (2018-2019: 32-40%). De meeste reisgerelateerde infecties werden in 2024 opgelopen in Afrika (46%) en Azië (34%). Het aandeel in Azië opgelopen infecties is daarmee gedaald ten opzichte van 2023 (42%). De meest genoemde landen waren Marokko (n=24), India (n=6) en Syrië (n=5). Bij 57 patiënten (24%) was de transmissieroute onbekend. Daarnaast hadden 35 patiënten (15%) de infectie waarschijnlijk opgelopen via contact met een andere hepatitis A-patiënt, met een minimum van een week tussen de betreffende eerste ziektedagen. Bij 18 patiënten (8%) was er wel een andere zieke, maar de eerste ziektedagen lagen dichter bij elkaar of dit was onbekend. Voor 30 patiënten (13%) was voedsel de meeste waarschijnlijke transmissieroute. Ook werden 11 infecties (5%) opgelopen tijdens werk, vijf infecties (2%) onder MSM gemeld en twee infecties (1%) met het toilet/riool als meest waarschijnlijk transmissieroute gemeld.

8.3.2 Voedsel

Clusters zijn op twee manieren definieerbaar. 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, dit worden microbiologische clusters genoemd. In 2024 waren er twee noemenswaardige microbiologische clusters waarbij voedsel de meest waarschijnlijke transmissieroute was. Het betrof een cluster van genotype I.A (cluster IA) en een cluster van genotype I.B (cluster IB). Cluster I.A. ontstond eind november 2024 en liep door tot februari 2025. In 2024 bestond cluster IA uit 14 patiënten, onder wie zeven mannen en zeven vrouwen met een mediane leeftijd van 50,5 jaar. Op basis van vragenlijstonderzoek kwamen diepvriesverpakkingen met blauwe bessen van een supermarktketen als meest waarschijnlijke bron naar voren. Wageningen Food Safety Research (WFSR) kon vervolgens in twee (geopende) verpakkingen van één patiënt HAV-RNA aantonen. De Nederlandse Voedsel- en Warenautoriteit (NVWA) nam daarop contact op met de betreffende supermarktketen, waarna een recall van de bevroren blauwe bessen startte. Cluster IB ontstond eind oktober 2024 en bestond uit negen patiënten op basis van microbiologische clustering. Daarnaast was er een aan het cluster gerelateerde patiënt op basis een epidemiologische link. Van deze patiënt was geen stam beschikbaar. Cluster IB bestond uit zes mannen en vier vrouwen met een mediane leeftijd van 36,5 jaar. Vijf patiënten hadden een aanvullende vragenlijst ingevuld, waaruit naar voren kwam dat druiven mogelijk een bron waren. Definitieve conclusies konden echter niet worden getrokken.

8.4 Clustering

In 2024 werden 26 epidemiologische clusters met in totaal 92 patiënten en 45 microbiologische clusters met in totaal 153 patiënten geïdentificeerd, waarbij 70 patiënten uit epidemiologische clusters ook tot een microbiologisch cluster behoorden. In 2024 behoorden daarmee 175 van de 238 patiënten tot een cluster. Vijfentwintig isolaten bleken gerelateerd aan microbiologische clusters uit andere jaren.

Van de 26 epidemiologische clusters speelden vier clusters zich gedeeltelijk af op een school en/of kinderdagverblijf. In alle vier clusters zijn ook gezinsleden besmet geraakt en in een cluster zijn ook medewerkers van de school/ kinderdagverblijf besmet geraakt. In één van de vier clusters liep de index van het cluster de infectie waarschijnlijk op in het buitenland en vond vervolgens de transmissie op school mogelijk plaats via het toilet. Daarnaast vond in vier van de 26 clusters transmissie plaats op een zorginstelling, waarbij in al deze clusters ook medewerkers besmet raakten. Bij drie van deze vier clusters vond daarnaast overdracht binnen een gezin plaats. En in drie clusters heeft de index de infectie vermoedelijk in het buitenland opgelopen. Daarnaast waren er nog zeven andere clusters waarbij de index de infectie waarschijnlijk in het buitenland opliep. In één van deze clusters hadden alle patiënten de infectie in het buitenland opgelopen. Bij de overige 11 clusters vond transmissie voornamelijk plaats binnen het gezin/familie (n=10), of was de meest waarschijnlijke

transmissieroute geheel onbekend (n=1). Tweeëntwintig van de 26 epidemiologische clusters konden microbiologisch bewezen worden.

Er waren 31 microbiologische clusters met in totaal 83 patiënten waarbij geen epidemiologische link werd gevonden. Isolaten uit 12 clusters bleken gerelateerd aan microbiologische clusters uit andere jaren, waaronder een MSM-cluster. Dit MSM-gerelateerde cluster bestond in 2024 uit acht patiënten, waarvan vijf patiënten de infectie hadden opgelopen in Nederland en drie patiënten een reishistorie hadden. De aan dit cluster gerelateerde stam vertoont grote overeenkomsten met een van de drie stammen die in de periode 2016 tot 2018 tijdens een grote internationale uitbraak onder MSM circuleerden. Bij vier van de overige 19 clusters was de oorzaak van de infectie van alle patiënten in het cluster gerelateerd aan reizen naar het buitenland. Daarnaast was bij vier clusters de meest waarschijnlijke oorzaak van infectie een mix van blootstelling in het buitenland en een onbekende bron. Bij één cluster had één patiënt de infectie opgelopen in het buitenland, terwijl de andere patiënt voedsel had geconsumeerd dat uit het buitenland kwam. Bij vier andere clusters was de meest waarschijnlijke oorzaak van de infectie een mix van factoren, waaronder werk, voedsel, toilet/riool of een onbekende bron. Bij vier clusters bleef de oorzaak van de infectie onbekend voor alle patiënten. De overige twee clusters bleken gerelateerd te zijn aan het consumeren van voedsel; zie hiervoor de bovenstaande paragraaf met de titel ‘Voedsel’.

8.5 Discussie

Het aantal hepatitis A-meldingen lag in 2020 historisch laag, met slechts 50 meldingen. Sindsdien neemt het aantal meldingen weer toe. In 2024 lag de incidentie (13,26 patiënten per miljoen inwoners) aanzienlijk hoger dan de gemiddelde incidentie in de jaren vóór de uitbraak in 2017 (2012-2016, gemiddelde: 5,9 patiënten per miljoen inwoners). Het oplopen van de infectie in het buitenland was de meest voorkomende waarschijnlijke bron van infectie in 2024. Het aandeel in het buitenland opgelopen infecties lag in 2024 iets lager dan in 2023 en was vergelijkbaar met 2022. Bij veel patiënten blijft de infectiebron onbekend. Dit aandeel is toegenomen ten opzichte van 2023, maar lager dan in de periode 2020-2022. Het aantal cases dat epidemiologisch gerelateerd was, bestaande uit secundaire cases en epilink (vermelding van een andere zieke, maar met minder dan een week tussen de eerste ziektedagen of onbekend hoe lang deze tussenperiode was), ligt in 2024 lager dan in 2023. Daarentegen ligt het aandeel patiënten waarbij voedsel als waarschijnlijke infectiebron werd vastgesteld aanzienlijk hoger dan in 2023. Dit is voor een groot deel te verklaren door twee voedselgerelateerde uitbraken, die in verband werden gebracht met diepvries blauwe bessen en mogelijk druiven. Verder is het aandeel met mogelijke oorzaak werk, MSM of toilet/riool in 2024 vergelijkbaar met voorgaande jaren.

8.6 Tabellen en figuren

Tabel 8.1 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met hepatitis A, 2020-2024

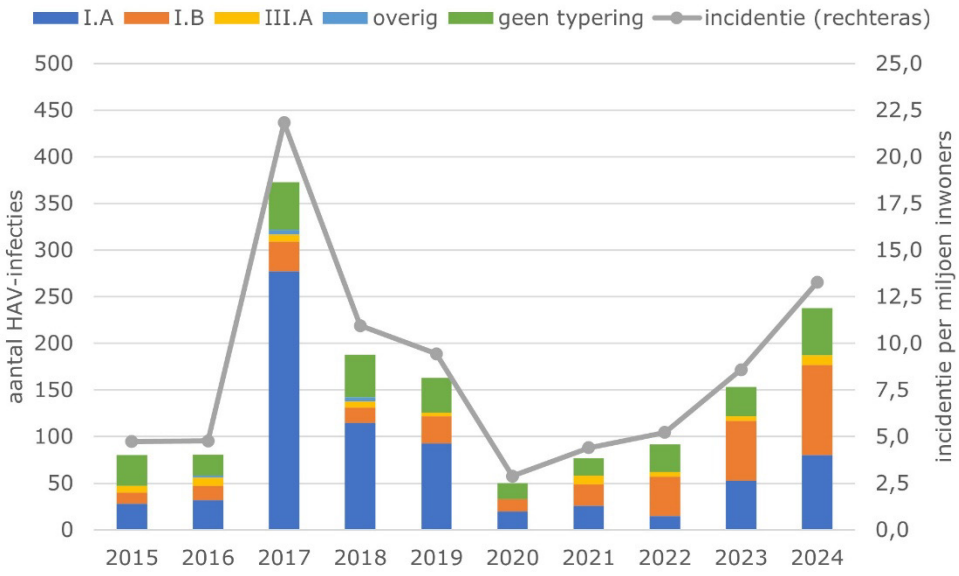
	2020	2021	2022	2023	2024
Totaal	**50**	**77**	**92**	**153**	**238**
Met isolaat	37 (74%)	67 (87%)	66 (72%)	132 (86%)	198 (83%)
Genotype I.A	20	26	15	53	80
Genotype I.B	13	23	42	64	97
Genotype II.A	0	0	0	0	0
Genotype III.A	0	9	5	5	10
Genotype: niet typeerbaar	1	4	3	3	9
Negatief	3	5	1	7	2
Man	31 (62%)	38 (49%)	53 (58%)	88 (58%)	134 (56%)
Leeftijd mediaan (spreiding)	29 (3-87)	37 (0-92)	27 (2-78)	23 (1-82)	29 (1-77)
Ziekenhuis-opname	12/47 (26%)	23/77 (30%)	30/85 (35%)	34/153 (22%)	59/236 (25%)
Overleden	0	0	0	0	0

Tabel 8.2 Aantal patiënten met hepatitis A naar meest waarschijnlijke bron, 2020-2024

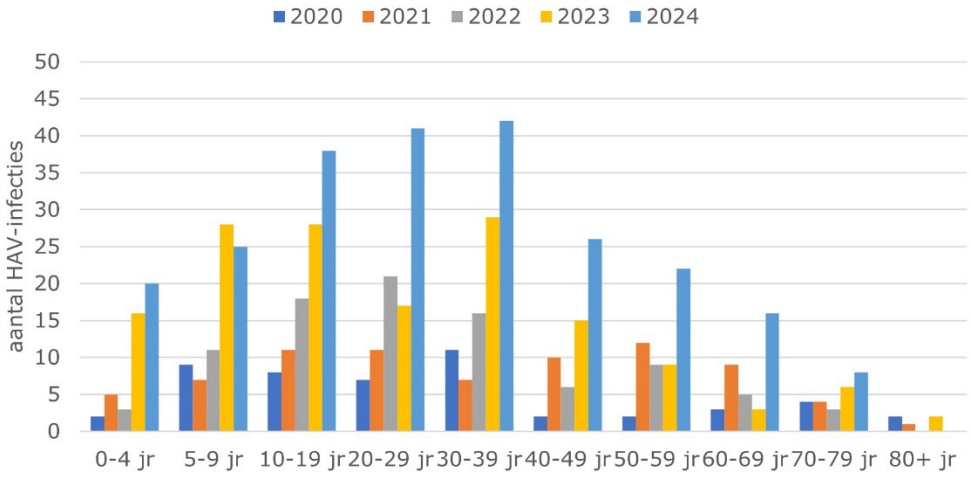
	2020	2021	2022	2023	2024
Sekscontact/MSM	0	2 (3%)	3 (3%)	3 (2%)	5 (2%)
Buitenland	9 (18%)	17 (22%)	34 (37%)	62 (41%)	80 (34%)
Europa	2 (22%)	1 (6%)	9 (26%)	2 (3%)	9 (11%)
Afrika	6 (67%)	3 (18%)	13 (38%)	27 (44%)	37 (46%)
Azië	0	13 (76%)	11 (32%)	26 (42%)	27 (34%)
Noord-Amerika	1 (11%)	0	0	0	2 (2%)
Midden-Amerika	0	0	1 (3%)	4 (6%)	3 (4%)
Zuid-Amerika	0	0	0	3 (5%)	2 (2%)
Secundaire case*	15 (30%)	5 (6%)	14 (15%)	36 (24%)	35 (15%)
Epilink*	0	2 (3%)	1 (1%)	21 (14%)	18 (8%)
Toilet/riool	2 (4%)	0	1 (1%)	0	2 (1%)
Werk	0	2 (3%)	4 (4%)	8 (5%)	11 (5%)
Voedsel	3 (6%)	25 (32%)	3 (3%)	1 (1%)	30 (13%)
Onbekend	21 (42%)	24 (31%)	32 (35%)	22 (14%)	57 (24%)

*Secundaire case: ziek geworden na contact met een hepatitis A-patiënt met een minimum van een week tussen de eerste ziektedagen; Epilink: vermelding van een andere zieke, maar met minder dan een 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), 2015-2024



Figuur 8.2 Leeftijdsverdeling van patiënten met hepatitis A, 2020-2024



9 Andere zoönotische infecties

9.1 Botulisme

9.1.1 Hoofdpunten

- In de afgelopen tien jaar zijn slechts vijf gevallen van botulisme gemeld in Nederland.
- In 2024 werd één geval van iatrogeen botulisme gemeld, op basis van het klinisch beeld.
- Het betrof een patiënt die botulinetoxine injecties had ontvangen voor een medische indicatie. Op basis van het lichaamsgewicht was een te hoge dosering gegeven. In tegenstelling tot botulisme is iatrogeen botulisme geen meldingsplichtige ziekte. Voor zover bekend, is dit de eerste patiënt met iatrogeen botulisme in Nederland.

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 (onder andere anaeroob milieu, voldoende hoge temperatuur en eiwitrijk substraat) uitgroeien tot BoNT-producerende bacteriën. BoNT wordt beschouwd als het meest potente, natuurlijk voorkomende toxine, waarvan verschillende typen zijn beschreven. De mens is gevoelig voor BoNT-typen A, B en E (en zeer zelden voor 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-type 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 keelmusculatuur. 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 die jonger zijn dan een jaar [30].

In Nederland komt botulisme bij mensen slechts zeer incidenteel voor. In de periode 2015-2023 zijn er drie voedsel-gerelateerd en één geval van infantiel botulisme gemeld. De drie patiënten met voedsel-gerelateerd botulisme zijn mogelijk in Nederland geïnfecteerd (twee keer in 2016 en één keer in 2022), waarbij een van hen uit Polen kwam [31]. Bij alle drie de gevallen kon de bron niet bevestigd worden. Bij de baby (< 1 jaar) met laboratorium-bevestigd infantiel botulisme (in 2023) werd een zalf op honingbasis, meegebracht uit Zuid-Afrika, verdacht als

mogelijke bron. Echter konden bij laboratoriumonderzoek hierin geen sporen van *C. botulinum* worden aangetoond.

In 2024 onderzocht Wageningen Bioveterinary Research (WBVR) materiaal van vier patiënten, in verband met verdenking op of ter uitsluiting van botulisme. Er werden geen gevallen bevestigd met laboratoriumdiagnostiek. Wel werd een melding gedaan van iatrogeen botulisme dat door medisch ingrijpen was veroorzaakt. Het betrof een patiënt die een week voor het ontstaan van klachten een injectie met botulinetoxine A had gekregen ter behandeling van spasticiteit. Op basis van het lichaamsgewicht was een te hoge dosering toegediend. Na toediening van antitoxine is het neurologisch beeld gestabiliseerd.

9.1.4 Discussie

Symptomen van iatrogeen botulisme komen overeen met andere vormen van botulisme. Botulinum-antitoxine kan een belangrijke rol spelen bij de behandeling vroeg in het beloop van de ziekte. De beslissing om te behandelen met antitoxine bij patiënten met mogelijke iatrogene botulisme moet worden gemaakt op basis van de aannemelijkheid van de klinische diagnose. In tegenstelling tot botulisme is iatrogeen botulisme geen meldingsplichtige ziekte. Voor zover bekend, is dit de eerste patiënt met iatrogeen botulisme in Nederland.

9.2 Brucellose

9.2.1 Hoofdpunten

- In 2024 werden veertien patiënten met brucellose gemeld, waarvan tien infecties in het buitenland waren opgelopen, drie in Nederland. Bij één melding bleef het land van besmetting onbekend. Hoewel het merendeel van de infecties reisgerelateerd was, is het aantal gevallen opvallend hoog in vergelijking met voorgaande jaren.
- In de afgelopen vijf jaar (2020-2024) zijn in totaal 29 patiënten (2-14 per jaar) gemeld.

9.2.2 Achtergrond

Brucellose is een zoönose die wereldwijd voorkomt. Slechts enkele landen hebben de ziekte in de landbouwhuisdierenpopulatie effectief bestreden. Nederland wordt sinds 1999 door de OIE en andere instanties als officieel vrij van brucellose beschouwd. Brucellose wordt veroorzaakt door bacteriën 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. Infecties bij dieren leiden 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 [32].

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 uit het buitenland. In 2024 zijn 14 patiënten met brucellose gemeld. Het betrof zes vrouwen en acht mannen, van wie de meeste (9) in de leeftijdscategorie 40-64 vielen, drie in de categorie 65+, één in de categorie 18-39 en één patiënt was een kind (0-17 jaar). Dit aantal is opvallend hoog in vergelijking met voorgaande jaren. Doorgaans worden in Nederland slechts enkele gevallen per jaar gemeld.

Bij 10 patiënten werd *B. melitensis* vastgesteld. Acht van deze infecties waren waarschijnlijk opgelopen via consumptie van ongepasteuriseerde zuivelproducten of vlees in het buitenland, waaronder in Irak (3x), Libanon (2x), Turkije, Jordanië en Bosnië-Herzegovina. Twee *B. melitensis*-infecties zijn mogelijk in Nederland opgelopen, waaronder één via meegebracht voedsel uit het buitenland. Bij de andere infectie is de bron onbekend. Bij één patiënt wed *B. abortus* vastgesteld, met herdiagnose en behandeling in Nederland na een eerdere diagnose in Turkije. Eén patiënt had een infectie met *B. intermedium,* mogelijk opgelopen in Nederland of Duitsland via een onbekende bron. *B. intermedium,* voorheen bekend als *Orchrobactrum intermedium*, wordt beschouwd als opportunistisch pathogeen [33]. De bacterie komt voor in de grond, maar is ook in pluimvee aangetroffen. Bij twee patiënten bleef de *Brucella*-soort onbekend. Een van hen liep de infectie mogelijk op in India via voedselconsumptie. De andere patiënt had de infectie mogelijk via een onbekende bron in Nederland of in Marokko opgelopen. In totaal werden 11 van de 14 patiënten door de infectie opgenomen in het ziekenhuis.

9.2.4 *Tabellen en figuren*

Tabel 9.2.1 Aantal gemelde humane patiënten geïnfecteerd met Brucella spp. (2020-2024)

Jaar	2020	2021	2022	2023	2024
Aantal meldingen	3	2	6	4	14
Opgelopen in Turkije/Irak	2/0	0/0	1/0	3/0	2/3

9.3 Cryptosporidiose

9.3.1 Hoofdpunten

- In 2024 werden vanuit twee rapporterende Medische Microbiologische Laboratoria 94 meldingen cryptosporidiose ontvangen. Van 65 patiënten is een monster ingestuurd naar het RIVM voor typering, waarvan het merendeel (57%) *C. parvum* was. Dit aantal is lager dan afgelopen jaren, met uitzondering van de COVID-19-pandemiejaren.

9.3.2 Achtergrond

Cryptosporidiose is een gastro-intestinale ziekte die veroorzaakt wordt door protozoa van het genus *Cryptosporidium*. Het kan infectie veroorzaken bij veel verschillende dieren, waaronder runderen, schapen, knaagdieren, honden, katten en vogels, maar ook mensen. De meeste infecties bij de mens worden veroorzaakt door twee species, namelijk *C. hominis*, die vooral bij mensen voorkomt, en *C. parvum*, die bij veel diersoorten voor kan komen, maar voornamelijk bij kalveren en lammeren.

Transmissie gaat via de fecaal-orale route door ingestie van infectieuze oöcyten, direct contact met geïnfecteerde personen of dieren, of inname van besmet water of voedsel. *Cryptosporidium* oöcyten kunnen maanden overleven in een vochtige bodem of water. De incubatieperiode varieert van een tot twaalf dagen, maar is gemiddeld zeven dagen. Het meest voorkomende symptoom is waterige diarree, maar buikpijn, koorts, misselijkheid en uitdroging komen ook voor.

In Nederland is geen meldplicht voor cryptosporidiose bij mensen. Het RIVM voert de kiemsurveillance van *Cryptosporidium*-infecties in Nederland uit in samenwerking met drie over Nederland verspreide medische microbiologische laboratoria; Saltro, Certe en Eurofins PAMM. De afgelopen zeven jaar zijn alle *Cryptosporidium* sp. positieve monsters voor verdere typering naar het RIVM gestuurd. In 2024 werd een deel van de positieve monsters ingestuurd. Bij het RIVM werd het desbetreffende *Cryptosporidium* species vastgesteld. Op een deel wordt aanvullende genotypering uitgevoerd door het karakteriseren van het hyper-variabele 60kDa glycoproteïne gen (gp60).

9.3.3 Epidemiologische situatie

In 2024 werden 94 meldingen van cryptosporidiose ontvangen, waarvan 65 monsters van patiënten zijn ingestuurd. Data over 2024 was enkel beschikbaar voor twee van de gebruikelijk drie insturende laboratoria. Om het aantal patiënten met voorgaande jaren te kunnen vergelijken, worden voor deze jaren ook enkel de data van dezelfde twee insturende laboratoria gebruikt. Het aantal patiënten in 2024 was lager dan in 2023 en 2022, toen dezelfde twee laboratoria respectievelijk 336 en 113 monsters van cryptosporidiosepatiënten hadden ingestuurd (Figuur 9.3.1). Gedurende de COVID-19-pandemie in 2020 en 2021 werden er respectievelijk 48 en 47 samples van patiënten ingestuurd. In 2016-2019 waren dit er gemiddeld 173 (spreiding: 153-210), wat hoger was dan in 2024. Zoals gebruikelijk voor *Cryptosporidium* werden de meeste monsters ingestuurd in augustus t/m oktober. Van de 65 patiënten in 2024 van wie het geslacht bekend was, betrof het 37 mannen (57%) en

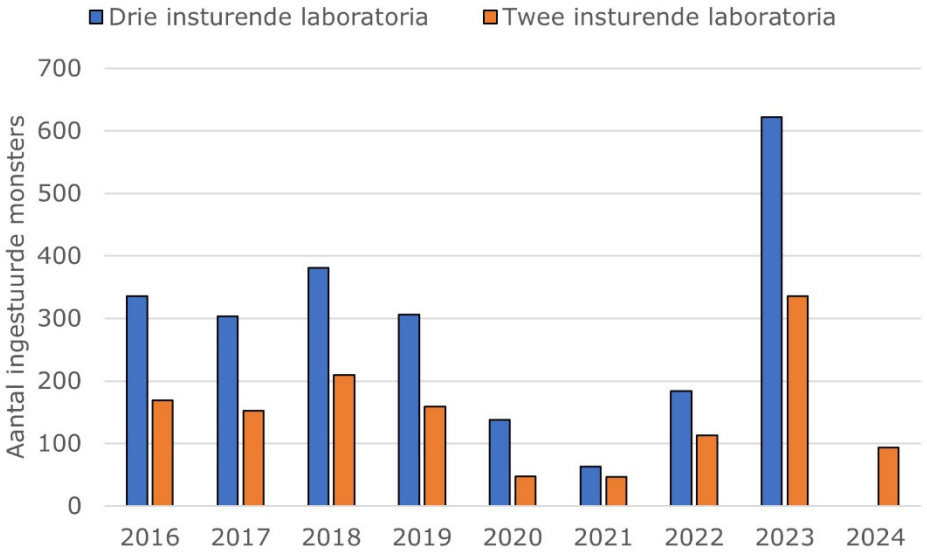
28 vrouwen (43%), met een mediane leeftijd van 16 jaar (spreiding: 1-83 jaar).

In 2024 hadden 17 patiënten (26%) een infectie met *C. hominis,* 37 (57%) met *C. parvum*, 2 (3%) met *C. meleagridis*, 2 (3%) met *C. ubiquitum* en voor 7 (11%) patiënten kon niet getypeerd worden. Het percentage infecties veroorzaakt door *C. hominis* is lager dan in 2023, toen een opvallend hoog percentage als *C. hominis* werd getypeerd. Het percentage is echter vergelijkbaar met wat er vóór 2023 werd gezien, met *C. parvum* als voornaamste species.

Genotypering van het gp60-gen van 13 *C. hominis*-samples laat hetzelfde beeld zien als in 2023, namelijk dat er een verschuiving heeft plaatsgevonden in circulerende gp60-types. In 2003-2005 en 2012, behoorde >89 procent van de *C. hominis* tot gp60-type IbA10G2. In 2023, was het aandeel van IbA10G2 slechts 3 procent en waren de vijf meest geïdentificeerde gp60-types IdA16 (21%), IbA13G3 (18%), IeA11G3T3 (18%), IbA9G3 (15%) en IaA12R3 (10%). In 2024 werden gp60-types IdA16 (46%) en IeA11G3T3 (23%) ook het vaakst gevonden, en daarnaast ook IbA10G2 (23%) en IdA15G1 (8%).

9.3.4 *Tabellen en figuren*

Figuur 9.3.1 Aantal gemelde cryptosporidiose patiënten per jaar, 2016-2024



Data over 2024 was enkel beschikbaar voor twee van de gebruikelijk drie insturende laboratoria. Daarom wordt zowel de data voor de twee insturende laboratoria als voor de drie insturende laboratoria weergegeven

9.4 Trichinellose

9.4.1 *Hoofdpunten*

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

9.4.2 *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 wormen. 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* jarenlang overleven en zich niet verder ontwikkelen. Pas als die gastheer door een vlees- of alleseter wordt opgegeten, kan de ontwikkeling van *Trichinella* doorgaan. Als de gastheer sterft, kunnen *Trichinella*-spierlarven nog lange tijd in het afstervende spierweefsel 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 de afgelopen jaren zijn uitbraken van trichinellose in Europa gerapporteerd, vaak gerelateerd aan consumptie van wild zwijnenvlees, zoals in Frankrijk, Italië en België [40-45].

9.4.3 *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 getest met behulp van een immunoblot. Bij bijzondere resultaten wordt overlegd met het referentiecentrum in Rome (EU Reference Laboratory for Parasites, ISS). In de periode 2015-2024 werd slechts één patiënt met trichinellose gemeld in Nederland, in 2022. Dit betrof een 35-jarige vrouw met eosinofilie en oedeem in het oog, waarbij *Trichinella* antistoffen aantoonbaar waren. De besmetting heeft waarschijnlijk plaatsgevonden in Eritrea, de mogelijke bron is onbekend.

9.5 Yersiniose

9.5.1 Hoofdpunten

- In 2024 werden via de kiemsurveillance 199 patiënten met Yersinia-infecties geïdentificeerd, waarvan het overgrote deel Y. enterocolitica.
- In de Yersinia-kiemsurveillance wordt relatief weinig clustering gezien. De gedetecteerde clusters zijn klein, wat duidt op een diversiteit aan besmettingsbronnen.

9.5.2 Achtergrond

Yersiniose wordt in Nederland voornamelijk veroorzaakt door *Yersinia enterocolitica*, die meestal via voedsel bij de mens terechtkomt. Infectie kan ontsteking van het darmslijmvlies veroorzaken, leidend tot symptomen, zoals koorts, buikpijn, en diarree (al dan niet met bloed). Zeldzamer zijn pseudoappendicitis, 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*. Y. pseudotuberculosis* kan bij vrijwel alle zoogdieren en bij veel vogels pseudotuberculose veroorzaken. Infecties bij de mens zijn relatief zeldzaam.

9.5.3 Epidemiologische situatie

In maart 2022 is een kiemsurveillance voor *Yersinia* opgestart, waarbij laboratoria in Nederland werden gevraagd om humane *Yersinia*-isolaten naar het RIVM op te sturen voor typering middels whole genome sequencing (WGS). In totaal zijn er 516 humane isolaten ontvangen, waarvan 112 in 2022 (sinds maart), 200 in 2023 en 204 in 2024. De 204 isolaten uit 2024 kwam van 199 verschillende patiënten met een mediane leeftijd van 35 jaar (spreiding: 0-97 jaar). De patiënten betroffen 91 (46%) mannen en 108 (54%) vrouwen. Van de patiënten liepen (voor zover bekend) 15 (8%) de infectie hoogstwaarschijnlijk op in het buitenland en 184 (93%) in Nederland.

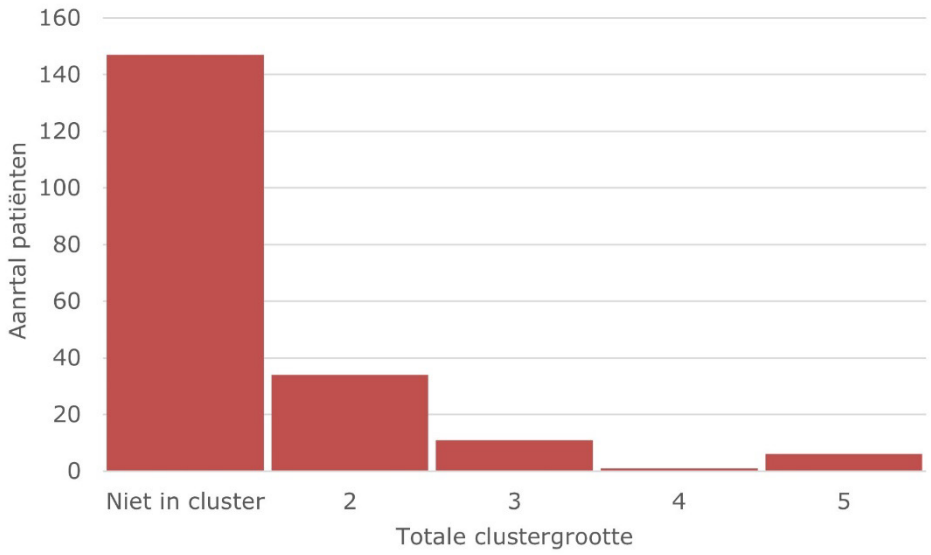
In 2024 betrof het overgrote deel van de isolaten (68%) het species *Y. enterocolitica*. Andere gedetecteerde species waren onder andere *Y.* species (18%), *Y. frederiksenii* (3%) en *Y. alsatica* (2%). *Y.*-species verwijst naar species van *Yersinia* die met de huidige methode niet van elkaar te onderscheiden zijn. In de toekomst zullen aanvullende analyses worden uitgevoerd om deze isolaten beter te differentiëren en toe te wijzen aan een specifieker species.

Om groepen patiënten te identificeren met (vrijwel) identieke isolaten, wat duidt op een gemeenschappelijke bron, wordt clusteranalyse uitgevoerd met behulp van core genome Multi-Locus Sequence Typing (cgMLST). Bij 52 (26%) patiënten clusterde het isolaat met ten minste één isolaat van een andere patiënt. Dit kunnen isolaten zijn uit 2024 of uit voorgaande jaren. In totaal zijn er 36 clusters gerapporteerd in 2024. Twee van deze clusters bestonden elk uit drie patiënten afkomstig uit 2024. Daarnaast waren er 12 clusters met twee patiënten in 2024 en 22 clusters met slechts één patiënt in 2024. Clusters bestaan regelmatig uit patiënten, afkomstig uit verschillende jaren. De totale clustergrootte wordt bepaald op basis van het aantal patiënten binnen een cluster in de periode 2022-2024. In 2024 behoorden zes patiënten tot een cluster

met een totale grote van vijf patiënten. Eén patiënt behoorde tot een cluster met een totale grote van vier patiënten en 11 patiënten behoorden tot een cluster met een totale grote van drie patiënten. Daarnaast maakten 34 patiënten deel uit van een cluster met een totale grootte van twee patiënten. De overige 147 patiënten behoorden niet tot een cluster (Figuur 9.5.1). Binnen de *Yersinia*-kiemsurveillance wordt relatief weinig clustering waargenomen. De gedetecteerde clusters zijn bovendien klein, wat wijst op een diversiteit aan besmettingsbronnen.

9.5.4 Tabellen en figuren

Figuur 9.5.1 Het aantal Yersinia-patiënten in 2024 naar clustergrootte van het totale cluster (totale clustergrootte wordt gebaseerd op het aantal patiënten in een cluster in periode 2022-2024)



10 Andere enterale infecties

10.1 Buiktyfus en paratyfus A/B/C

10.1.1 Hoofdpunten

- In 2024 werden 46 personen met buiktyfus gemeld, een lichte toename ten opzichte van voorgaande jaren.
- Paratyfus A, B en C werden in 2024 respectievelijk voor 10, 29 en twee personen gemeld, vergelijkbaar met voorgaande jaren.
- Er waren in 2024 twee meldingen van paratyfus C, ten opzichte van nul tot vijf meldingen in de afgelopen tien jaar.
- Tussen de 40 en 74 procent van de gemelde patiënten werd in het ziekenhuis opgenomen, maar niemand overleed aan de gevolgen van de infectie.
- De meeste infecties werden, zoals in voorgaande jaren, in het buitenland opgelopen, met name in landen in Azië.

10.1.2 Achtergrond

Buiktyfus en paratyfus worden veroorzaakt door respectievelijk *Salmonella* Typhi en *Salmonella* Paratyphi, en deze verwekkers vallen in de categorie van typhoidale *Salmonellae*. Ze zijn in Nederland meldingsplichtig in de categorie B2. In tegenstelling tot non-tyfeuze ziekte (vooral buikklachten en acute diarree), kenmerkt tyfeuze ziekte zich voornamelijk door, soms ernstige, algemene ziekteverschijnselen door systemische verspreiding van de ziekteverwekker. De mens is het belangrijkste reservoir van *S.* Typhi en *S.* Paratyphi, waarbij mensen ook drager kunnen zijn. Besmetting gebeurt voornamelijk via consumptie van met urine of feces besmet voedsel of water.
Vroege symptomen van tyfeuze ziekte zijn onder andere koorts, hoofdpijn, spierpijn en buikpijn, maar zowel diarree als obstipatie komen voor [46]. Verder kunnen in het beloop van de infecties huidafwijkingen, lever- en miltvergroting, en een droge hoest voorkomen. De ziekte kan worden gecompliceerd door darmbloedingen en darmperforaties. Er bestaan vaccins tegen buiktyfus, hoewel deze niet 100 procent beschermen en maximaal drie jaar bescherming bieden [47]. 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 Azië of Afrika zijn geweest [46, 47].

10.1.3 Epidemiologische situatie

Het aantal personen met buiktyfus was in 2024 het hoogste van het afgelopen decennium, met uitzondering van het uitbraakjaar 2022. Het aantal meldingen van paratyfus A en B bleef in 2024 op een vergelijkbaar niveau als in 2022, 2023 en de jaren vóór de pandemie (2015–2019). Er waren in 2024 twee meldingen van paratyfus C, ten opzichte van 0-5 meldingen het afgelopen decennium (zie Tabellen 10.1.1-10.1.4 en Figuur 10.1.1).

Buiktyfus

In 2024 werden 46 personen met buiktyfus gemeld. Dit aantal is een lichte toename ten opzichte van 2023 en de pre-pandemische periode (2015–2019), waarin jaarlijks 17 tot 28 meldingen werden gedaan

(Figuur 10.1.1). Tijdens de COVID-19-pandemie (2020-2021) lag het aantal meldingen nog lager, met zes tot veertien gevallen per jaar. Het jaar 2022 had een uitzonderlijk hoog aantal meldingen door een buiktyfusuitbraak op een cruiseschip dat dienst deed als noodopvanglocatie voor asielzoekers. Op dit schip bleken corrosiegaatjes tussen de drinkwater- en de vuilwatertank te bestaan, waardoor drinkwater werd besmet. Van de 46 personen met buiktyfus hadden 43 personen (93%) de infectie in het buitenland opgelopen. Dit percentage komt in grote lijnen overeen met de percentages van de voorgaande jaren: 92 procent in 2022 en 89 procent in 2023. Azië was het werelddeel waarin in de afgelopen vijf jaar (2020-2024) de meeste mensen de infectie opliepen (50-92%) (Tabel 10.1.1). Na Azië, werden Afrika (0-40%), Midden-Amerika (0-42%), Zuid-Amerika (0-2%) en Europa (0-5%) genoemd als continent van besmetting. Op landenniveau werden in 2024 India (n=16), Pakistan (n=8), Mexico (n=5) en Indonesië (n=6) het vaakst gerapporteerd. Bij drie gevallen was er geen reishistorie. Deze infecties werden vermoedelijk in Nederland opgelopen, waarbij geen duidelijke of gemeenschappelijke bron identificeerbaar was.

Paratyfus A
In 2024 werden tien personen met paratyfus A gemeld. Dit aantal is vergelijkbaar met de perioden 2022-2023 en 2015-2019, waarin jaarlijks 6-18 meldingen werden gedaan (Figuur 10.1.1). Tijdens de COVID-19-pandemie (2020-2021) lag het aantal meldingen lager, met drie meldingen per jaar. Geen van de tien meldingen behoorde tot een cluster.

In de afgelopen vijf jaar (2020-2024) werden ongeveer evenveel mannen (n=22) als vrouwen (n=19) ziek door paratyfus A en waren de meeste patiënten tussen 18-39 jaar oud (Tabel 10.1.2). Per jaar belandde 40-67% van de patiënten door ziekte in het ziekenhuis. Er werden geen overlijdens gemeld. Het grootste deel van de infecties (67%-100%) werd in het buitenland opgelopen, waarbij het in 0-67% van de gevallen om familiebezoek leek te gaan (het al of niet behoren tot de categorie familiebezoek is gebaseerd op het geboorteland van de patiënt en/of zijn/haar vader of moeder). In Afrika werden Senegal (n=2), Ghana (n=1) en Marokko (n=1) als landen genoemd waarin de infectie werd opgelopen. Landen in Azië werden echter het vaakst genoemd, met India als koploper (15/41). De buitenlandse besmettingen in Azië in 2024 waren opgelopen in India (n=5), Pakistan (n=3) en Indonesië (n=1).

Paratyfus B
In 2024 werden 29 personen met paratyfus B gemeld. Dit aantal is vergelijkbaar met de perioden 2022-2023 en 2015-2019, waarin jaarlijks 23-35 meldingen werden gedaan (Figuur 10.1.1). Tijdens de COVID-19-pandemie (2020-2021) lag het aantal meldingen lager, met respectievelijk drie en veertien meldingen.

In de afgelopen vijf jaar (2020-2024) werden meer mannen (n=63) dan vrouwen (n=44) met paratyfus B gemeld, en waren de meeste patiënten tussen de 18-39 jaar oud (Tabel 10.1.3). Per jaar belandde 29-45% van de patiënten in het ziekenhuis. Er werden geen overlijdens gemeld.

Paratyfus B wordt doorgaans in het buitenland opgelopen. In de meeste jaren, zoals 2023 en 2024, was dit bij vrijwel alle meldingen het geval (89–100%). Alleen in 2020 en 2021, tijdens de COVID-19-pandemie, lag het aandeel importinfecties beduidend lager (respectievelijk 33% en 43%), vermoedelijk door de sterk verminderde internationale reismogelijkheden. In 2022 was dit aandeel met 62 procent nog enigszins beperkt. Voor paratyfus B lijkt familiebezoek in het buitenland, gebaseerd op het geboorteland van de patiënt en/of zijn/haar vader of moeder, slechts in een beperkt deel van de gevallen (0–50%) een rol te spelen. Azië is het meest genoemde continent met 50-100% van de infecties, maar ook Zuid-Amerika (0-39%), Afrika (0-21%) en Europa (0-17%) worden genoemd. Indonesië (27/107) lijkt daarbij het belangrijkste land van besmetting, op afstand gevolgd door Irak (9/107) en Bolivia (8/107). De in 2024 gemelde buitenlandse besmettingen waren opgelopen in Indonesië (n=10), Irak (n=5), Eritrea (n=4), Bolivia (n=2), Thailand (n=2), Argentinië, Colombia, Ethiopië, Maleisië en Marokko. Bij één besmetting was alleen het continent bekend, Azië.

Paratyfus C
Paratyfus C is van de vier typhoidale ziekten veruit het minst voorkomend en wordt slechts zelden gemeld. In 2024 waren er twee meldingen, ten opzichte van 0-5 meldingen per jaar in het afgelopen decennium (2015-2023) (Figuur 10.1.1). In de afgelopen vijf jaar (2020-2024) waren de patiënten voornamelijk in de leeftijd 18-39 jaar en werden twee van de vijf patiënten in het ziekenhuis opgenomen (Tabel 10.1.4). Drie van de vijf personen hadden de infectie in het buitenland opgelopen, géén van hen tijdens familiebezoek (gebaseerd op geboorteland van de patiënt en/of zijn/haar vader of moeder).

10.1.4 Discussie

Buiktyfus en paratyfus zijn in Nederland voornamelijk importziekten. In 2024 werd een lichte toename in het aantal meldingen van buiktyfus gezien ten opzichte van voorgaande jaren, terwijl de herkomstlanden grotendeels overeenkwamen met eerdere jaren, en landen in Azië werden in dit kader opnieuw het vaakst genoemd. Het relatief hoge percentage ziekenhuisopnames onderstreept de mogelijke ernst van ziekte en de daarmee samenhangende potentieel relatief hoge ziektelast.

10.1.5 *Tabellen en figuren*

Tabel 10.1.1 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met buiktyfus, 2020-2024

	2020	2021	2022	2023	2024
Totaal	**6**	**14**	**96**	**28**	**46**
Man	4 (67%)	11 (79%)	83 (86%)	17 (61%)	27 (59%)
Leeftijd, mediaan (spreiding)	28 (9-85)	33 (9-57)	30 (2-70)	30 (0-77)	27 (3-56)
Ziekenhuisopname	6 (100%)	10 (71%)	43 (45%)	18 (64%)	31 (74%)
Overleden	0	0	0	0	0
Uitbraak	0	0	72 (75%)	0	0
Buitenland	5 (83%)	12‡ (86%)	22 (92%)*	25 (89%)††	43 (93%)‡‡
Familiebezoek†	4 (80%)	5 (42%)	12 (55%)	17 (68%)	27 (63%)
Afrika	2 (40%)	0	3 (14%)	0	4 (9%)
Azië	3 (60%)	7 (58%)	11 (50%)	23 (92%)	33 (77%)
Midden-Amerika	0	5 (42%)	7 (32%)	2 (8%)	5 (12%)
Zuid-Amerika	0	0	0	0	1 (2%)
Europa	0	0	1 (5%)	0	0
Onbekend	0	0	0	0	0

† Bezochte land is gelijk aan geboorteland van patiënt/moeder/vader, voor zover bekend.
‡ Van de overige twee meldingen was één mogelijk in Nederland/mogelijk in buitenland.
* 22 van de 24 niet-uitbraakgerelateerde gevallen.
†† Van de overige drie meldingen was één mogelijk in Nederland/mogelijk in buitenland en één onbekend.
‡‡ Van de overige drie meldingen was één mogelijk in Nederland/mogelijk in buitenland.

Tabel 10.1.2 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met paratyfus A, 2020-2024

	2020	2021	2022	2023	2024
Totaal	**3**	**3**	**7**	**18**	**10**
Man	2 (67%)	2 (67%)	5 (71%)	8 (44%)	5 (50%)
Leeftijd, mediaan (spreiding)	31 (26-39)	34 (11-40)	41 (26-57)	20 (1-71)	25 (4-66)
Ziekenhuisopname	2 (67%)	2 (67%)	3 (43%)	10 (56%)	4 (40%)
Overleden	0	0	0	0	0
Buitenland	2 (67%)	3 (100%)	7 (100%)	18 (100%)	9 (90%)
Familiebezoek†	0	0	3 (43%)	6 (33%)	6 (67%)
Afrika	0	1 (33%)	0	3 (17%)	0
Azië	2 (100%)	2 (67%)	7 (100%)	15 (83%)	9 (100%)

† 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, 2020-2024

	2020	2021	2022	2023	2024
Totaal	**3**	**14**	**26**	**35**	**29**
Man	1 (33%)	12 (86%)	15 (58%)	18 (51%)	17 (59%)
Leeftijd, mediaan (spreiding)	46 (20-60)	26 (4-89)	25 (0-88)	26 (1-72)	23 (1-55)
Ziekenhuisopname	1 (33%)	4 (29%)	8 (31%)	11 (31%)*	13 (45%)
Overleden	0	0	0	0	0
Buitenland	1 (33%)	6 (43%)	16 (62%)	31 (89%)	29 (100%)
Familiebezoek†	0	3 (50%)	2 (13%)	3 (10%)	9 (31%)
Afrika	0	1 (17%)	1 (6%)	0	6 (21%)
Azië	1	3 (50%)	10 (63%)	17 (55%)	19 (66%)
Europa	0	1 (17%)	1 (6%)	2 (6%)	0
Zuid-Amerika	0	1 (17%)	4 (25%)	12 (39%)	4 (14%)

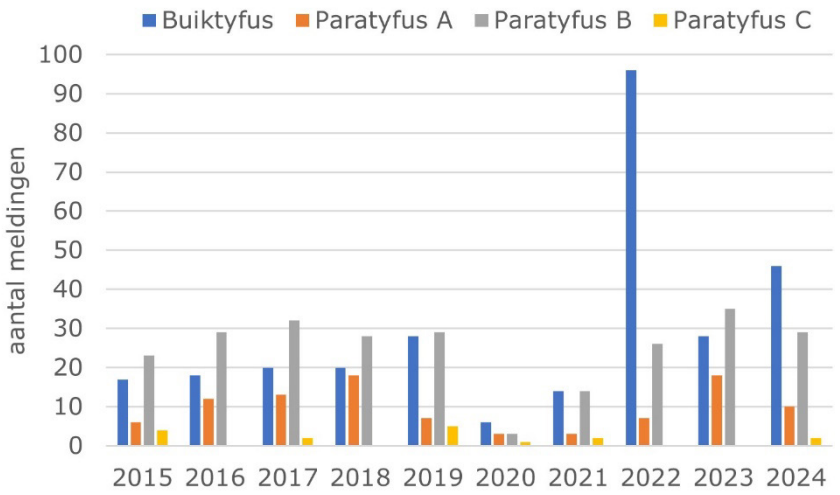
* Bij één melding was ziekenhuisopname onbekend.
† Bezochte land is gelijk aan geboorteland van patiënt/moeder/vader, voor zover bekend.

Tabel 10.1.4 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met paratyfus C, 2020-2024

	2020	2021	2022	2023	2024
Totaal	**1**	**2***	**0**	**0**	**2**
Man	0	1			1
Leeftijd:					
0-17 jaar	0	1			1
18-39 jaar	1	1			1
40-64 jaar	0	0			0
65+	0	0			0
Ziekenhuisopname	1	0			1
Overleden	0	0			0
Buitenland	1	0			2
Familiebezoek†	0				0
Azië	0				1
Europa	0				1
Onbekend	1				0

* Betrof vermoedelijk één huishouden.
† Bezochte land is gelijk aan geboorteland van patiënt/moeder/vader, voor zover bekend.

Figuur 10.1.1 Aantal gerapporteerde patiënten met buiktyfus, paratyfus A, paratyfus B en paratyfus C, 2015-2024



10.2 Cholera

10.2.1 Hoofdpunten

- In 2024 is er één persoon met cholera gemeld, die de ziekte had opgelopen in Azië.
- In de afgelopen tien jaar (2015-2024) werden in totaal twaalf personen met cholera (0-2 per jaar) gemeld. Werelddelen waarin deze personen de ziekte hadden opgelopen, waren Afrika (n=6) en Azië (n=6).

10.2.2 Achtergrond

Vibrio cholerae, de verwekker van cholera, komt wereldwijd voor in oppervlaktewater, vooral in brak water [48]. De bacterie hecht zich aan plankton, waarin die kan overleven en zich kan vermenigvuldigen. Schaaldieren en plankton vormen het reservoir van *V. cholerae*.
Bij mensen vormt maagzuur een barrière tegen infectie. Wanneer de bacteriën toch levend de darm bereiken, vindt sterke vermeerdering van het aantal cholerabacteriën plaats, inclusief productie van choleratoxine. Besmetting treedt voornamelijk op via consumptie van met feces besmet water of voedsel of direct via de feco-orale route.

De meeste mensen met cholera hebben geen of milde symptomen, zoals milde diarree. Ernstige ziekte kan echter optreden en dit kenmerkt zich in het algemeen door een abrupte start van braken en soms zeer ernstige diarree [48]. Het meest kenmerkend van die vorm van diarree is de grote hoeveelheid ‘rijstwaterachtige’ ontlasting, die in zeer korte tijd kan leiden tot ernstige uitdroging.

Cholera is in Nederland een importziekte. In het verleden hebben zich echter verschillende cholera-pandemieën voorgedaan en tot begin van de 20ste eeuw was deze ziekte endemisch in Nederland [49].

10.2.3 *Epidemiologische situatie*

In 2024 werd één geval van cholera gemeld (Tabel 10.2.1). In de afgelopen tien jaar (2015-2024) zijn in totaal twaalf personen met cholera gemeld. De ziekte werd in al deze gevallen in het buitenland opgelopen, met gelijke verdeling tussen landen in Afrika (n=6) en Azië (n=6) (zie Figuur 10.2.1). De in 2024 gemelde infectie werd in Irak opgelopen, waarbij de infectiebron niet kon worden vastgesteld.

10.2.4 *Discussie*

Cholera wordt in Nederland slechts sporadisch gemeld, en komt in Nederland uitsluitend voor als importziekte. De meldingen in de afgelopen tien jaar tonen een gelijke verdeling tussen Afrikaanse en Aziatische landen. Voorlichting aan reizigers en zorgverleners blijft belangrijk, gezien de wereldwijde mobiliteit en het belang van goede hygiëne, veilige voedselconsumptie en schoon drinkwater.

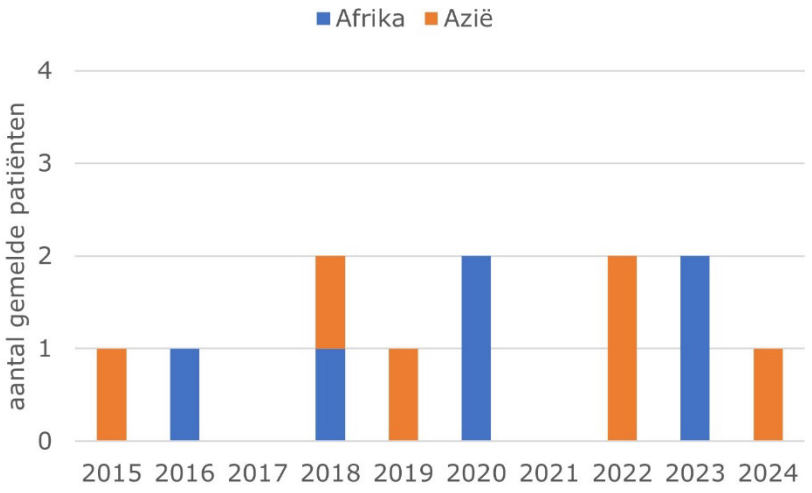
10.2.5 *Tabellen en figuren*

Tabel 10.2.1 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met cholera, 2020-2024

	2020	2021	2022	2023	2024
Totaal	**2**	**0**	**2**	**2**	**1**
Man	1		2	1	0
0-17 jaar	0		0	1	0
18-39 jaar	2		0	1	0
40-64 jaar	0		1	0	1
65+	0		1	0	0
Ziekenhuisopname	2		2	1	1
Overleden	0		0	0	0
Buitenland	2		2	2	1
Afrika	2*		0	2	0
Azië	0		2	0	1

* Betrof één huishouden.

Figuur 10.2.1 Aantal gerapporteerde patiënten met cholera en de regio van infectie, 2015-2024



11 Andere virussen, gemeld in de Virologische Weekstaten

11.1 Hoofdpunten

- Het rotavirusseizoen startte in 2024 zoals gebruikelijk in februari. In 2024 werden er in totaal 921 rotavirus-infecties gemeld in de Virologische Weekstaten. Dit is wat lager dan het gemiddelde van 1.046 (spreiding 679-1.323 rotavirus-infecties) in 2015-2019.
- Naar schatting waren er 3.915 ziekenhuisopnames door rotavirus, waarvan 2.900 (74%) onder kinderen jonger dan vijf jaar. Dit is 18 procent lager dan het gemiddelde aantal opnames bij 0 tot 5-jarigen in 2017-2019 (n=3.555).
- In epidemiologisch jaar juli 2023 t/m juni 2024 werden 4.291 norovirus-infecties gemeld. Dit is 40 procent hoger dan in de vijf jaren vóór 2019/2020, toen gemiddeld 3,063 norovirus-infecties (spreiding: 2.648-3.514) werden gemeld. Deze toename is mogelijk te verklaren door een verandering in het circulerend genotype. Het norovirusseizoen startte zoals gebruikelijk in november.
- In 2024 werden in totaal 102 Hepatitis E-virus (HEV) -infecties gemeld, wat 39 procent lager is dan het aantal in 2023. Daarmee zet de langjarige daling, die in 2023 tijdelijk werd onderbroken, zich opnieuw voort.

11.2 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 een tot drie dagen en verspreidt zich voornamelijk feco-oraal, maar ook indirect via bijvoorbeeld oppervlakken. Rotavirusvaccinatie is voor kinderen die vanaf januari 2024 zijn geboren opgenomen in het Rijksvaccinatieprogramma.

In 2021 bleef een duidelijke piek uit door de COVID-19- lockdown, maar het aantal rotavirus-infecties nam sterk toe in november 2021 (zie Figuur 11.1). Dit kwam waarschijnlijk door een toename van het aantal kinderen dat gevoelig is voor rotavirus-infectie door het uitblijven van een rotavirus-seizoen in 2020. Deze toename zette door in 2022, met een hoger dan gebruikelijk aantal rotavirus-infecties in januari en februari. In 2023 startte het rotavirus-seizoen in februari. Dit paste bij een gebruikelijk pre-COVID-19 rotavirus-seizoen. Ook in 2024 startte het rotavirus-seizoen in februari, wat erop wijst dat het gebruikelijke pre-COVID-19 seizoenpatroon zich heeft hersteld. In totaal werden er 921 rotavirus-infecties gemeld in 2024 (zie Figuur 11.1). Dat is iets lager dan het gemiddelde van 1.046 (spreiding 679-1.323 rotavirus-infecties) in 2015-2019.

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 hieronder ook opnames vallen die niet veroorzaakt zijn door rotavirus, wordt hierop een correctie uitgevoerd.

Dit wordt gedaan door een lineaire regressieanalyse tussen de ziekenhuisopnames met eerdergenoemde 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-infecties in de Virologische Weekstaten. Data over ziekenhuisopnames door rotavirus zijn geschat op basis van ziekenhuisdata t/m 2020. In 2024 werden er 3.915 ziekenhuisopnames door rotavirus geschat, waarvan het merendeel onder kinderen jonger dan vijf jaar (n=2900). Het aantal opnames onder kinderen jonger dan vijf jaar was 18 procent lager dan het aantal opnames in 2017-2019, toen gemiddeld 3.555 ziekenhuisopnames door rotavirus (spreiding 3.319 – 3.744) werden geschat.

11.3 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 twee tot drie dagen bij volwassen en na ongeveer een week bij kinderen.

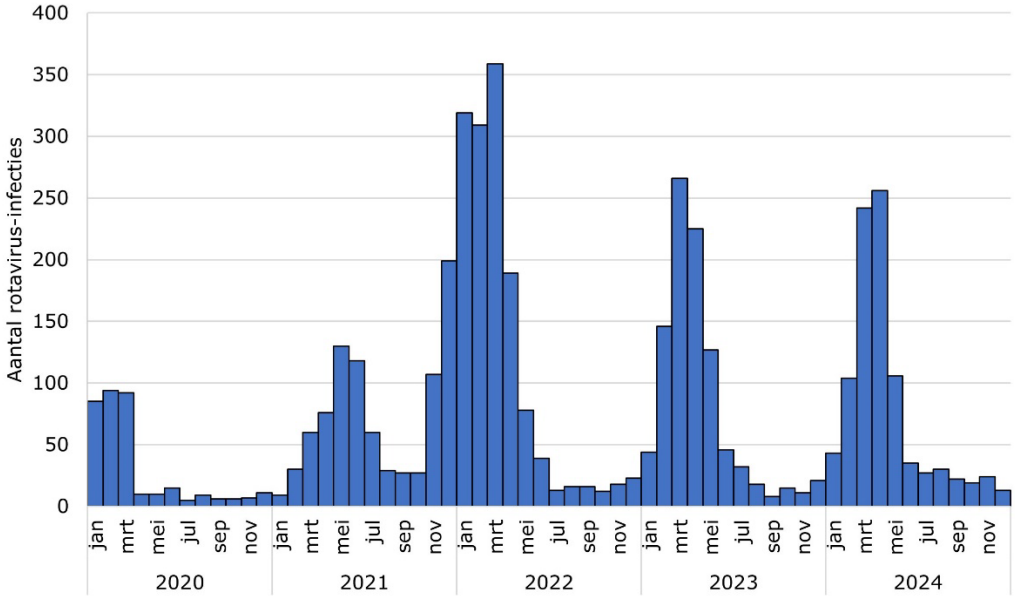
Omdat het norovirus-seizoen zich voornamelijk afspeelt in de winter, wordt voor norovirus een epidemiologisch jaar gehanteerd dat is gedefinieerd als juli 2023 t/m juni 2024. In epidemiologisch jaar 2023/2024 werden 4.291 norovirus-infecties gemeld (zie Figuur 11.2), wat 40 procent hoger is dan in de vijf jaren vóór 2019/2020. Toen werden er gemiddeld 3.063 norovirus-infecties (spreiding: 2.648-3.514) gemeld. Het norovirus-seizoen startte in november 2023. Dit past bij een gebruikelijk pre-COVID-19 norovirus-seizoen. De toename in 2023/2024 is mogelijk toe te schrijven aan een verandering in het meest circulerende genotype vanaf het voorjaar van 2024. Hierdoor hebben mensen mogelijk minder immuniteit tegen dit voorheen minder voorkomende genotype.

11.4 Hepatitis E-virus

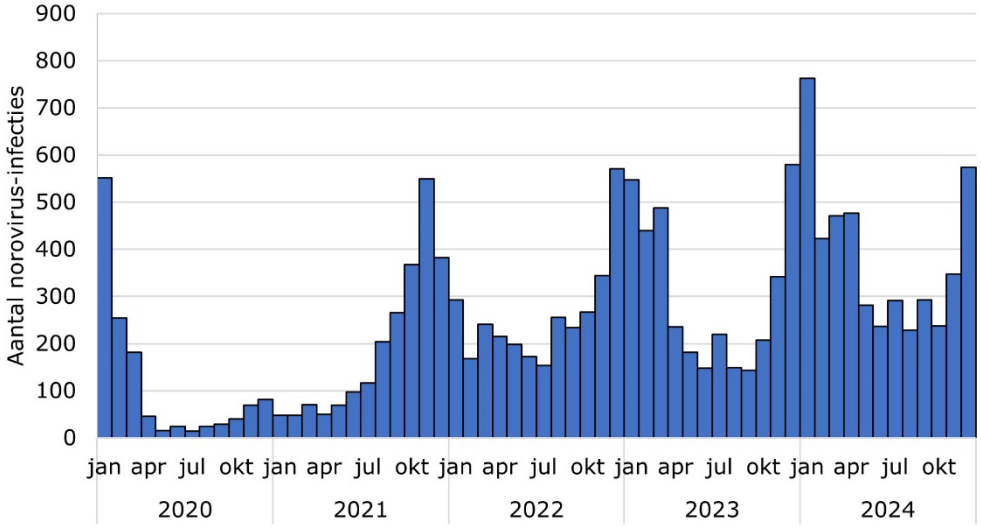
De meerderheid van de Hepatitis E-virus (HEV)-infecties in de algemene populatie verdwijnt zonder symptomen, of gaat over als zelfbeperkende hepatitis. De meeste klinische HEV-infecties en ernstige ziekten worden waargenomen bij mannen van middelbare en oudere leeftijd, vaak gekarakteriseerd met onderliggend lijden. Immuun gecompromitteerde patiënten, zoals transplantatiepatiënten, hebben een risico op het ontwikkelen van een chronische hepatitis en levercirrose.
In 2015 en 2016 is er een piek geweest in het aantal HEV-infecties, waarna een langjarige daling is ingezet (zie Figuur 11.3). De aan deze piek en daling onderliggende redenen zijn niet duidelijk. In 2023 werd voor het eerst sinds 2018 een toename in het aantal HEV-infecties waargenomen. In 2024 werden in totaal 102 HEV-infecties gemeld. Da is 39 procent lager dan het aantal gemelde infecties in 2023 (zie Figuur 11.3). Daarmee zet de langjarige daling, die in 2023 tijdelijk werd onderbroken, zich opnieuw voort.

11.5 Tabellen en figuren

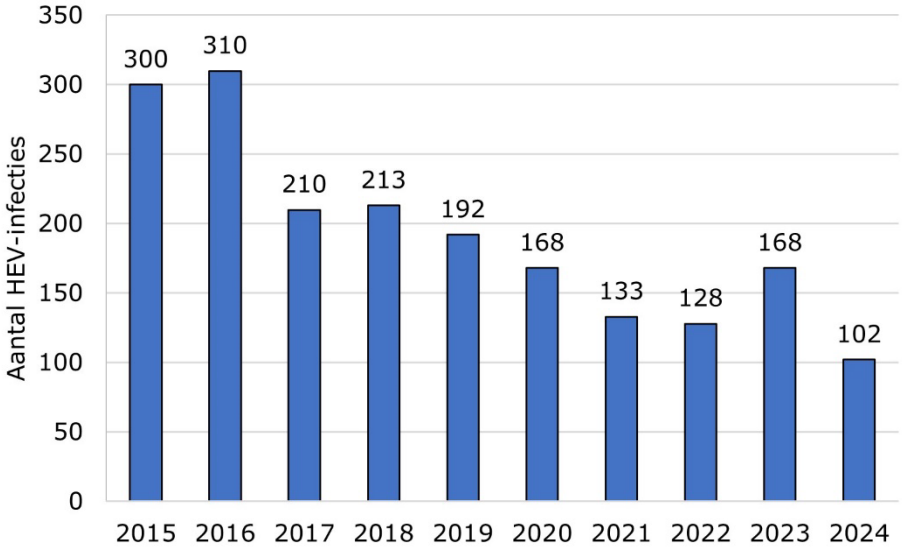
Figuur 11.1 Aantal gemelde rotavirus-infecties in de Virologische Weekstaten naar jaar en maand, 2020-2024



Figuur 11.2 Aantal gemelde norovirus-infecties in de Virologische Weekstaten naar jaar en maand, 2020-2024



Figuur 11.3 Aantal gemelde hepatitis E (HEV)-infecties in de Virologische Weekstaten per jaar, 2015-2024



Resultaten-sectie 2

12 Voedselgerelateerde uitbraken

12.1 Hoofdpunten

- Het totaal aantal gemelde uitbraken was in 2024 (n=1.179), na een daling in 2023, op het niveau van 2022 (1.173 uitbraken). Het aantal daarbij behorende ziektegevallen bij NVWA en GGD (5.388 zieken) is wel gestegen ten opzichte van 2022 (4.505 zieken), maar het verschil is voor een groot deel toe te schrijven aan één grote norovirusuitbraak met 717 aan Koningsdag gerelateerde ziektegevallen.
- In 31 uitbraken (2,6%) was een ziekteverwekker bekend, met als meest gemeld norovirus (12 uitbraken + drie uitbraken met norovirus en rotavirus), gevolgd door *Salmonella* (9 uitbraken) en hepatitis A-virus (3 uitbraken).

12.2 Achtergrond

Levensmiddelen kunnen op elk moment in de voedselketen, van grondstof tot en met bereiding, besmet raken met ziekteverwekkers. Belangrijke oorzaken van besmet voedsel zijn onhygiënische omstandigheden, te hoge bewaartemperaturen, besmette apparatuur, kruisbesmetting en onvoldoende verhitting [50]. Globalisering van de voedselindustrie van zowel grondstoffen als levensmiddelen, en de toegenomen consumptie van ‘exotische’ producten leiden ertoe dat voedselproducten worden geïmporteerd uit landen met een lagere hygiënestandaard [1]. Surveillance van voedselgerelateerde uitbraken en individueel uitbraakonderzoek tijdens een uitbraak geven inzicht in de oorzaken van ziekte, mogelijk betrokken voedselproducten en de mogelijke setting van de besmetting [51-53]. Factoren die mede bepalen of een bron wordt gevonden, zijn het aantal ziektegevallen en hun epidemiologische informatie, de snelheid waarmee de uitbraak gemeld wordt bij de autoriteiten, de ziekteverwekker en de setting waarin de uitbraak plaatsvindt (bijvoorbeeld nationaal verspreide patiënten die gerelateerd zijn aan dezelfde bron versus een cluster van patiënten gerelateerd aan een specifieke, lokale plaats) [54, 55]. Ook als de bron niet meer aanwezig is of niet gevonden wordt, kunnen resultaten van uitbraakonderzoek wel kennis over ziekteverwekkers, transmissieroutes en risicogedrag vergroten en zo helpen bij de detectie van trends [56, 57].

In Nederland bestaat de registratie van voedselgerelateerde uitbraken bij het Centrum Infectieziektebestrijding (CIb) van het RIVM uit meldingen van ziekte door voedsel bij de NVWA en meldingen door de GGD in het kader van de meldingsplicht, op basis van de Wet publieke gezondheid. Voedsel- en omgevingsmonsters worden in opdracht van de NVWA geanalyseerd door Wageningen Food Safety Research (WFSR).

12.3 Epidemiologische situatie

12.3.1 Aantal meldingen

De NVWA registreerde in 2024 3.992 meldingen van burgers en/of GGD’en waarbij een of meerdere personen ziek zouden zijn geworden door het eten van een bepaald levensmiddel, waaronder 1.666

anonieme meldingen. In 1.171 niet-anonieme meldingen waren twee of meer personen geregistreerd die ziek zouden zijn geworden door het eten van een voedselproduct uit een horecagelegenheid en/of van een bepaald levensmiddel in de detailhandel, met een totaal van 5.301 ziektegevallen (Bijlage 1, Tabel B1.2).

In 2024 werden 17 voedselgerelateerde uitbraken met 1.100 ziektegevallen gemeld bij het RIVM-CIb (Bijlage 1, Tabel B1.3). Negen van de 17 meldingen betroffen een bovenregionale/landelijke uitbraak.

De meldingen van de NVWA en de GGD worden via gescheiden routes in Osiris geregistreerd bij het RIVM-CIb, zodat uitbraken zowel in het registratiedeel van de NVWA als van de GGD kunnen voorkomen. Dit was negen keer het geval. Er werden in totaal 1.179 unieke voedselgerelateerde uitbraken met 5.388 ziektegevallen in Osiris geregistreerd (zie Figuur 12.1, en Bijlage 1, Tabel B1.1). De meerderheid van de uitbraken bestond uit twee tot en met vier ziektegevallen (84%), gevolgd door uitbraken met vijf tot en met negen ziektegevallen (10%). Er waren in totaal zeven (0,7%) grote uitbraken, met 25 of meer ziektegevallen. De verdeling in grootte van de uitbraken is relatief stabiel over de jaren (Bijlage 1, Tabel B1.4).

Er is tijdens onderzoek naar uitbraken regelmatig contact tussen GGD en NVWA, waarbij relevante informatie wordt uitgewisseld. Dit resulteerde in 2024 in negen uitbraken die gezamenlijk door beide instanties zijn onderzocht en geregistreerd; in totaal was er in elk geval bij 23 uitbraken (2%) onderling contact. Er is vaker contact tussen medewerkers van de GGD en NVWA naarmate meer zieken bij de uitbraak betrokken zijn. Bij uitbraken met minder dan 15 ziektegevallen was in 1 procent (12/1.150) van de uitbraken contact. Bij de grotere uitbraken was er in 38 procent (11/29) van de gevallen contact. Daarnaast was in 58 procent (18/31) van de uitbraken met een aangetoonde verwekker (patiënt/voedsel/omgeving) contact, terwijl dit bij uitbraken zonder aangetoonde verwekker slechts 0,4 procent (5/1.148) was. Als de NVWA monsters nam, was de kans ook groter dat er contact was (7%) dan wanneer geen monsters werden genomen (1%). Uit het voorgaande blijkt dat er vaker contact was tussen GGD en NVWA dan dat beide instanties in Osiris hebben geregistreerd. Het kan namelijk gebeuren dat na onderling overleg voor een bij de NVWA gemelde uitbraak blijkt dat verder onderzoek door de GGD niet (meer) nuttig is of omgekeerd. Dan is er dus wel contact geweest, maar wordt de melding niet geregistreerd in Osiris.

12.3.2 Voedselonderzoek NVWA

Bij 843 (72%) van de 1.171 uitbraken die bij de NVWA gemeld werden, werd na beoordeling van de beschikbare informatie vervolgonderzoek ingesteld, waarbij inspecties werden uitgevoerd om de hygiëne en borging van bereidingsprocessen te toetsen. Zo nodig werden ook voedsel- en omgevingsmonsters genomen voor onderzoek op ziekteverwekkers. Bij 325 meldingen werd geen inspectie uitgevoerd, waarvan 215 keer omdat het betreffende bedrijf binnen een standaard inspectie-procedure (formule) viel. Bij elf meldingen was onbekend of er een inspectie was uitgevoerd. Bij 12 procent van de meldingen met vervolgonderzoek was er ook sprake van monstername, waarbij 16 van

de 104 monsternames (15%) een positief resultaat voor een ziekteverwekker opleverde. Elf keer betrof het een of meer positieve veegdoekjes van de omgeving en vijf keer voedselmonsters zelf (oesters (2x), eendenborst, gerookte paling, blauwe bessen). Het afgelopen jaar was vergelijkbaar met 2021-2023 wat betreft het percentage vervolgonderzoek en monstername, maar met een iets hoger percentage positieve monsternames (zie Tabel 12.1).

Het aantonen van een ziekteverwekker in levensmiddelen kan leiden tot een maatregel als er sprake is van overschrijding van de wettelijke norm en/of als er een link is met de ziek geworden personen. Ook kan het zo zijn dat tijdens de inspectie naar aanleiding van een melding andere aspecten aan het licht komen, die niet voldoen aan de wettelijke richtlijnen voor voedselveiligheid. Voorbeelden hiervan zijn: niet-handelen volgens de geldende HACCP, problemen met de hygiëne, gebrekkige bouwkundige staat van de voedselbereidingsomgeving (keuken of anderszins), waarvoor een maatregel kan worden opgemaakt. Dit kunnen dus ook zaken zijn die geen directe relatie hebben met de melding of de ziektebron niet kunnen verklaren. Tijdens de meeste inspecties werden geen tekortkomingen gezien (659/843; 78%). Bij 29 bedrijven (3%) werden wel afwijkingen genoteerd, maar waren deze niet aan de melding gerelateerd. De inspecteur oordeelde 124 keer (15%) dat de melding gegrond was en bij 31 meldingen was de uitkomst van de inspectie onbekend.

Bij 100 meldingen waarbij een causaal verband zeer waarschijnlijk was, werd ook vermeld wat de mogelijke oorzaak of oorzaken was/waren geweest. Onvoldoende hygiëne door de voedselbereider werd in 67 meldingen als oorzaak genoemd. Fouten in het bereidingsproces werden in 92 meldingen (73%) door de inspecteur benoemd, waarbij in 60 meldingen (54%) beide oorzaken genoemd werden. Tot slot werd eenmaal als oorzaak consumptie van rauw onbewerkt voedsel vermeld.

Afhankelijk van de ernst van de afwijking kan dit leiden tot een Schriftelijke Waarschuwing (SW) of een Rapport van Bevindingen (RvB), waarbij in het geval van een RvB een boete wordt opgelegd. Een maatregel werd opgemaakt bij 105 (13%) meldingen waarbij een inspectie plaatsvond. In de meeste gevallen werd alleen een SW opgemaakt (bij 6% van de inspecties), gevolgd door beide maatregelen (5%) of een RvB (2%). Als beoordeeld was dat de melding gegrond was, leidde dit in 99/124 (80%) van de gevallen tot het opleggen van een maatregel ten opzichte van 6/29 (21%) bij niet-gerelateerde afwijkingen.

12.3.3 Ziekteverwekkers

Bij 31/1.179 (2,6%) uitbraken werd een ziekteverwekker geïdentificeerd bij patiënten en/of in voedsel of omgevingsmonsters (zie Tabel 12.2). Voor vergelijking met voorgaande jaren, zie de Tabellen B1.5 en B1.6 in Bijlage 1.

Norovirus was in twaalf gemelde uitbraken (924 gerapporteerde zieken) de oorzaak en werd daarnaast ook nog in drie uitbraken (52 zieken) samen met rotavirus aangetroffen. De mediane gemelde incubatietijd bij deze twaalf en drie uitbraken was respectievelijk 15,5 en 20 uur. Bij in

totaal vier uitbraken werd verder nog een ziekteduur van een tot twee dagen vermeld. In negen uitbraken werd norovirus aangetoond in de omgeving (horecakeuken, toiletten) middels veegdoekjes en in twee werd zowel norovirus als rotavirus aangetoond. In één uitbraak werden norovirus en rotavirus in oesters aangetroffen. In vier uitbraken werd norovirus bij patiënten gevonden, waaronder een van de twee uitbraken waarbij zowel norovirus als rotavirus op veegdoekjes werd gedetecteerd. De meest opvallende, en grootste met 717 ziektegevallen, norovirus-uitbraak was gerelateerd aan het uitserveren van drankjes door een café vanuit een kraam op een plein tijdens Koningsdag. De omgevingsmonsters waren negatief, maar onderzoek door de GGD wees uit dat verspreiding van het norovirus zeer waarschijnlijk via een zieke medewerker was verlopen die in de asymptomatische periode ongemerkt het virus heeft verspreid. De medewerker meldde zich af zodra de symptomen duidelijk werden, waarop het café handelde volgens de horecacode door de zieke medewerker naar huis te sturen.

Salmonella-uitbraken staan met negen uitbraken en 192 gerapporteerde ziektegevallen op de tweede plek. Bij in ieder geval vijf van de acht uitbraken zijn er patiënten in het ziekenhuis opgenomen, daarnaast is er één overlijden gemeld. In één uitbraak heeft het restaurant zelf eendenborst uit dezelfde batch laten testen als waaruit de vier zieken hadden gegeten, waarop *Salmonella* werd vastgesteld. De gehanteerde combinatie van tijd en temperatuur tijdens bereiding bleek onvoldoende en is aangepast. In de overige acht uitbraken werd *Salmonella* alleen bij de zieken aangetoond, waaronder vijf uitbraken die via de landelijke *Salmonella*-laboratoriumsurveillance werden ontdekt op basis van een WGS-clusteranalyse. De grootste *Salmonella*-uitbraak in 2024, met 79 gerapporteerde ziektegevallen, is een landelijke uitbraak van *Salmonella* Enteritidis gerelateerd aan eieren, waarbij het nog niet mogelijk is gebleken om de bron of bronnen te vinden. De uitbraak loopt ook nog door. Een tweede landelijke uitbraak, door *Salmonella* Typhimurium, was ook onderdeel van een Europese uitbraak. In Denemarken bleken de patiënten gerelateerd te kunnen worden aan besmet geïmporteerd rundvlees uit het Verenigd Koningrijk (VK). Engelse autoriteiten vonden een link met een slachthuis in het VK, wat resulteerde in een terugroepactie van gerelateerde producten. In Nederland werd wel een epidemiologische link met rundvlees gelegd, maar was de betreffende partij rundvlees uit het VK, voor zover bekend, niet rechtstreeks gedistribueerd op de Nederlandse markt. Wel nam in alle betrokken landen, inclusief Nederland, het aantal patiënten af nadat in het Verenigd Koningrijk maatregelen genomen waren. Een andere opvallende *Salmonella*-uitbraak, met zeventien ziektegevallen, was een lokale uitbraak, waarbij de patiënten hun vlees bij een specifieke slager kochten. De precieze bron of oorzaak is niet gevonden.

In 2024 werden drie hepatitis A-uitbraken gemeld, waarvan twee bovenregionale uitbraken (zie 8.3.2) die via de landelijke surveillance ontdekt werden. Het grootste cluster bestond uit 24 gerapporteerde ziektegevallen (waarvan veertien eind 2024 ziek werden) verspreid over drie aaneengesloten provincies, en kon zowel epidemiologisch als virologisch gelinkt worden aan diepvries blauwe bessen van een supermarktketen.

Campylobacter kwam in de afgelopen jaren altijd in de top drie van meest gevonden ziekteverwekkers voor, al lag het aantal gerelateerde ziektegevallen altijd lager dan bij norovirus- en *Salmonella*-uitbraken (Bijlage 1, Tabel B1.5 en B1.6). In 2024 werd maar één uitbraak veroorzaakt door *Campylobacter* gemeld. Het gaat daarbij om twee zieken die in Thailand besmet geraakt zijn.

Verder was er nog een cluster binnen de landelijke surveillance door *Listeria monocytogenes* met vier gerapporteerde ziektegevallen met zowel een epidemiologische als een microbiologische link naar gerookte paling (zie 7.4). In oesters werden enterotoxinen van *Staphylococcus aureus* aangetroffen naar aanleiding van een melding van twee ziektegevallen. En tot slot was er een cluster van vijf gerapporteerde patiënten met een STEC O157-stam die in 2022 al eens een uitbraak had veroorzaakt (zie 6.4). In 2022 werd een epidemiologische link met rundvlees gelegd. De recente patiënten leverden geen nieuwe informatie wat betreft de mogelijke bron.

12.3.4 Setting

De genoemde bereidingsplaatsen van het verdachte voedsel waren voornamelijk restaurants (65%), cafetaria/fast-food/afhaal (11%) en thuis-/privé-situaties (9%) (zie Tabel 12.3). In 70 procent van de uitbraken werd het verdachte voedsel op dezelfde locatie gegeten als dat het werd bereid. In geval van bereiding in hotels/pensions, kantines en instellingen werd het betreffende voedsel altijd en in geval van thuis-/privé-situaties vrijwel altijd ook daar geconsumeerd.

12.4 Discussie

Het totaal aantal gemelde uitbraken is in 2024 (n=1.179), na een daling in 2023, op het niveau van 2022 (1.173 uitbraken). Dit niveau is beduidend hoger dan pre-covid. De reden daarvan is onbekend. Het aantal daarbij behorende ziektegevallen bij NVWA en GGD is wel gestegen ten opzichte van 2022, maar het verschil kan voor een groot deel worden toegeschreven aan één grote norovirusuitbraak met 717 aan Koningsdag gerelateerde ziektegevallen. Het aantal meldingen via de GGD blijft laag en bestaat voor ongeveer de helft uit de bovenregionale uitbraken die via de landelijke (laboratorium)surveillances gedetecteerd worden. Het melden als burger bij de NVWA is zeer laagdrempelig, terwijl artsen en laboratoria in het geheel van patiënten en diagnostiek een uitbraak moeten zien te herkennen. Als er niet of door verschillende laboratoria getest wordt, of de zieken door verschillende artsen behandeld worden, komt er geen melding. Maar ook niet alle artsen, laboratoria en GGD’en zijn zich altijd bewust dat voedselgerelateerde uitbraken gemeld moeten worden, of vergeten dat te doen door de overige werkzaamheden. In 2024 is bij de GGD’en hiervoor aandacht gevraagd.

Het percentage uitbraken waar een ziekteverwekker werd aangetoond in voedsel-, omgevings- en/of humane monsters, blijft laag met 2,0-3,9% (2020-2024). In absolute aantallen gaat het daarbij om 22-32 uitbraken met een bekende ziekteverwekker. Bij vrijwel alle meldingen via de meldplicht is de ziekteverwekker aangetoond bij de patiënten als verklaring van de symptomen, via de meldingen aan de NVWA door de

burger blijft deze meestal onbekend. Bij 72 procent van de meldingen bij de NVWA werd in 2024 een vervolgonderzoek gestart naar de mogelijke (voedsel)bron, waarbij in 12 procent van die gevallen ook daadwerkelijk monsters genomen werden. In 15 procent (16/104) van de monsternames werd er vervolgens een ziekteverwekker gevonden. Dit was iets hoger dan in de periode 2020-2023 (7-13%). Redenen voor deze lage aantallen zijn onder andere dat een aanzienlijk deel van de meldingen door burgers niet specifiek genoeg is om gerichte monsters te nemen voor bronopsporing, of dat dit niet meer mogelijk is doordat de melding te laat komt, waardoor relatief veel tijd is verstreken tussen ziekte en melding bij de NVWA. Ook waren er minder referentiemonsters beschikbaar voor onderzoek dan in eerdere jaren. Referentiemonsters komen van voorraden van dezelfde partij en kunnen bij afwezigheid van restanten van het gegeten product worden genomen, maar leidden in het verleden niet vaak tot een positief resultaat. Tot slot worden er bij een verdenking van norovirus als mogelijke virale verwekker sinds 2020 niet meer standaard veegdoekjes genomen voor omgevingsbemonstering. Dit gebeurt alleen als er duidelijke aanwijzingen zijn dat een maaltijd of voedselproduct een mogelijke rol hebben gespeeld in de transmissie of als personeel ziek is (geweest) en de hygiënemaatregelen onvoldoende in acht zijn genomen.

Sinds 2006 waren norovirus, *Salmonella* en *Campylobacter* de meest aangetroffen ziekteverwekkers bij voedselgerelateerde uitbraken met tussen 2013 en 2019 norovirus (14-25 uitbraken) telkens als de meest gerapporteerde ziekteverwekker [58, 59]. *Salmonella* en *Campylobacter* wisselen wat betreft het aantal uitbraken nog wel eens van plaats in de top drie bij de uitbraken met een gevonden ziekteverwekker. In de afgelopen drie jaar vormde *Salmonella* de belangrijkste ziekteverwekker (7-14 uitbraken). In 2024 is de verdeling anders: er werden twaalf norovirus-uitbraken gemeld en nog eens drie uitbraken, waarbij zowel norovirus als rotavirus werden aangetroffen. *Salmonella* staat op de tweede plaats met negen uitbraken en op de derde plek hepatitis A-virus met drie uitbraken. Er werd in 2024 maar één uitbraak met *Campylobacter* gemeld ten opzichte van 5-8 uitbraken in 2020-2023.

12.5 Tabellen en figuren

Tabel 12.1 Aantal meldingen bij de NVWA met onderverdeling naar uitgevoerde inspectie en monstername, 2020-2024

	2020	2021	2022	2023	2024
NVWA-meldingen	550	833	1168	899	1.171
Uitgevoerde inspecties	436 (79%)	595 (71%)	818 (70%)	645 (72%)	843 (72%)
Inspecties met monstername	67 (15%)	77 (13%)	102 (12%)	77 (12%)	104 (12%)
Positieve monsternames	5 (7%)	10 (13%)	11 (11%)	8 (10%)	16 (15%)

Tabel 12.2 Uitbraken van voedselgerelateerde infecties en vergiftigingen en gerelateerde ziektegevallen naar gedetecteerde ziekteverwekker in voedsel en/of patiënten, NVWA/GGD/RIVM-CIb, 2024

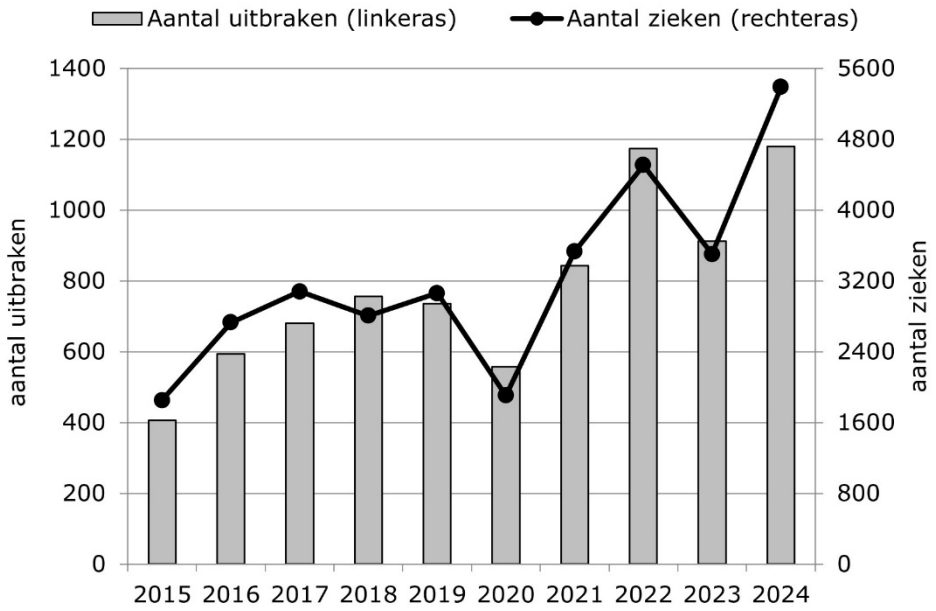
Ziekteverwekker	Totaal		Ziekteverwekker aangetoond	
	uitbraken n (%)	zieken n (%)	voedsel* uitbraken n (%)	humaan uitbraken n (%)
Campylobacter spp	1 (0,1)	2 (0,1)	-	1 (0,1)
Listeria monocytogenes	1 (0,1)	4 (0,1)	1 (0,1)	1 (0,1)
Salmonella spp.	9 (0,8)	192 (3,6)	1 (0,1)	8 (0,7)
*Staphylococcus aureus***	1 (0,1)	2 (0,1)	1 (0,1)	-
STEC	1 (0,1)	5 (0,1)	-	1 (0,1)
Hepatitis A-virus	3 (0,3)	41 (0,8)	1 (0,1)	3 (0,3)
Norovirus***	12 (1,0)	924 (17,1)	9 (0,8)	3 (0,3)
Norovirus+rotavirus	3 (0,3)	52 (1,0)	3 (0,3)	1 (0,1)
Totaal bekend	*31 (2,6)*	*1.222 (22,7)*	*16 (1,4)*	*18 (1,5)*
Onbekend/niet onderzocht	*1.148 (97,4)*	*4.166 (77,3)*	*1.163 (98,6)*	*1.161 (98,5)*
Totaal	**1.179**	**5.388**	**1.179**	**1.179**

* Ziekteverwekker aangetoond in voedsel- of omgevingsmonsters.
** Enterotoxinen aangetoond
*** Sinds 2020 worden er bij verdenking op norovirus niet meer standaard veegdoekmonsters genomen.

Tabel 12.3 Plaats van consumptie naar bereidingsplaats bij uitbraken van voedselgerelateerde infecties en vergiftigingen, NVWA/GGD/RIVM-CIb, 2024

Consumptie Bereiding	Zelfde locatie n (%)	Thuis n (%)	Overig n (%)	Onbekend n (%)	Totaal N (%)
Boerderij	0	2 (100)	0	0	2 (0,2)
Cafetaria/fast-food/afhaal	86 (66)	45 (34)	0	0	131 (11)
Catering	8 (67)	1 (8)	3 (25)	0	12 (1)
Hotel/pension	23 (100)	0	0	0	23 (2)
Instelling	3 (100)	0	0	0	3 (0,3)
Kantine	10 (100)	0	0	0	10 (1)
Marktkraam/ braderie	38 (88)	5 (12)	0	0	43 (4)
Restaurant/ eetcafé	551 (72)	212 (28)	0	3 (0,4)	766 (65)
Thuis/privé	106 (95)	0	0	5 (5)	111 (9)
Vliegtuig	1 (100)	0	0	0	1 (0,1)
Winkel/fabriek	4 (5)	69 (93)	1 (1)	0	74 (6)
Overig	0	0	0	1 (100)	1 (0,1)
Buitenland	0	0	0	1 (100)	1 (0,1)
Onbekend	0	0	0	1 (100)	1 (0,1)
Totaal	**830 (70)**	**334 (28)**	**4 (0,3)**	**11 (1)**	**1.179**

Figuur 12.1 Aantal meldingen van voedselgerelateerde uitbraken (kolommen, linkeras) en aantal ziektegevallen (lijn, rechteras) per jaar, NVWA/GGD/RIVM-CIb, 2015-2024



Resultaten-sectie 3

13 Ziektelast

13.1 Hoofdpunten

- In 2024 werd de totale ziektelast van 14 voedselgerelateerde pathogenen geschat op 12.000 DALYs (+9% t.o.v. 2023), met totale ziektekosten van €566 miljoen (+2%).
- Norovirus veroorzaakte de meeste ziektelast en ziektekosten in 2024, met aanzienlijke stijgingen ten opzichte van eerdere jaren.
- Ziektegevallen stegen voor met name norovirus, hepatitis A, *Salmonella* en *Listeria*, maar daalden voor rotavirus en hepatitis E.
- De attributieschattingen zijn voor het eerst gebaseerd op een nieuwe expert-elicitatieronde en aangepast voor de post-covid-periode.

13.2 Achtergrond

Enterale infecties omvatten zowel acute als chronische ziektebeelden, met variërende duur, ernst en sterfte. Hoewel deze infecties via meerdere bronnen kunnen worden overgedragen — zoals voedsel, andere mensen, dieren en het milieu — worden ze doorgaans aangeduid als 'voedselgerelateerde' infecties. Een risicogebaseerd voedselveiligheidsbeleid vereist een consistente en kwantitatieve beoordeling van de volksgezondheidsimpact van deze pathogenen, evenals van het relatieve belang van de verschillende transmissieroutes als mogelijke van door voedsel overgedragen ziekten.

Om die reden drukken we de volksgezondheidsimpact van voedselgerelateerde pathogenen uit in zowel DALY als in ziektekosten. Daarnaast wordt de geschatte ziektelast toegewezen aan verschillende mogelijke bronnen van infectie (attributie). Sinds 2008 publiceert het RIVM deze ziektelastschattingen regelmatig (zie bijvoorbeeld [60]). In dit hoofdstuk is de informatie geactualiseerd tot en met het jaar 2024, op basis van trendgegevens over ziekte-incidentie, nieuwe inzichten uit recent gepubliceerde studies, demografische ontwikkelingen en de consumentenprijsindex (als maat voor prijsveranderingen van goederen en diensten).

Vanaf 2019 worden jaarlijkse trends in ziektelast (Burden of Disease, BoD) en ziektekosten (Cost of Illness, CoI) voor de toxineproducerende bacteriën *Bacillus cereus*, *Clostridium perfringens* en *Staphylococcus aureus* niet langer berekend, vanwege het ontbreken van recente nationale surveillancegegevens voor deze pathogenen. Deze drie pathogenen zijn echter nog wel opgenomen in tabellen en figuren met totaalschattingen (gebaseerd op gegevens uit voorgaande jaren), om de vergelijkbaarheid met eerdere jaren te behouden.

13.3 Epidemiologische situatie

13.3.1 Incidentie

Tien van de geselecteerde pathogenen (namelijk *Campylobacter* spp., STEC O157, *Salmonella* spp., de drie toxineproducerende bacteriën, norovirus, rotavirus, *Cryptosporidium* spp. en *Giardia* spp.) veroorzaken

primair acute gastro-enteritis. De overige vier pathogenen (*Listeria monocytogenes*, *Toxoplasma gondii*, hepatitis A-virus en hepatitis E-virus) worden ook in verband gebracht met andere klinische manifestaties, zoals meningitis, sepsis en hepatitis.

Het geschatte aantal incidentiegevallen van gastro-enteritis per pathogeen in 2024 is weergegeven in Tabel 13.5.1. De geschatte incidentie van ziekten veroorzaakt door pathogenen met een primair niet-gastro-intestinaal ziektebeeld staat in Tabel 13.5.2. Een overzicht van de jaarlijkse incidentie voor alle veertien onderzochte pathogenen in de periode 2020–2024 is opgenomen in Figuur 13.5.1.

Het totale aantal geschatte ziektegevallen door de veertien voedselgerelateerde pathogenen bedroeg in 2024 ongeveer 1.891.000, een toename ten opzichte van 2023 (1.772.000), 2022 (1.599.000) en 2021 (1.287.000).

Het totale geschatte aantal sterfgevallen als gevolg van voedselgerelateerde ziekten in 2024 was hoger dan in 2023 en 2022 (290 sterftegevallen in 2024 vergeleken met 280 sterfgevallen in 2023 en 230 in 2022).

13.3.2 DALY

Tabel 13.5.3 presenteert de geschatte BoD per pathogeen voor de totale Nederlandse bevolking in 2024, uitgedrukt in DALY per 100.000 inwoners en DALY per ziektegeval, zowel zonder als met discontering tegen een rentevoet van 1,5 procent.

De totale BoD veroorzaakt door de veertien voedselgerelateerde pathogenen in 2024 wordt geschat op circa 12.000 DALY’s. Dit is hoger dan in 2023 (11.000 DALYS), in 2022 (10.000 DALY’s) en in 2021 (9.100 DALY’s) en hoger dan het niveau van 2019, het jaar voorafgaand aan de COVID-19-pandemie (zie Tabel B2.3 in Bijlage 2). Ten opzichte van 2023 is een toename van de ziektelast waargenomen voor norovirus (+600 DALY’s), *Campylobacter* spp. (+100 DALYs), *Salmonella* spp. (+100 DALYs), *Listeria monocytogenes (*+70 DALYs), hepatitis A-virus (+48 DALY’s).

In Figuur 13.5.2 worden de bijdragen aan de totale ziektelast (uitgedrukt in DALY) uitgesplitst per pathogeen, onderverdeeld in: het aantal jaren geleefd met beperkingen (YLD) door de acute infectiefase, de YLD als gevolg van chronische aandoeningen of complicaties van de infecties (sequelae), en het aantal verloren levensjaren (YLL) door voortijdige sterfte. De YLD door acute infecties droegen 14 procent bij aan de totale ziektelast, YLD door sequelae 35 procent, en YLL 51 procent. De verdeling tussen deze componenten verschilde aanzienlijk per pathogeen (zie Figuur 13.5.2 voor details).

De gemiddelde ziektelast veroorzaakt door de veertien pathogenen in de periode 2020–2024 staat in Figuur 13.5.3.

13.3.3 Ziektekosten

De totale ziektekosten (CoI) in 2024 bedroegen 566 miljoen euro (gedisconteerd met 4%) en waren daarmee hoger dan in 2023 (555

miljoen euro), in 2022 (512 miljoen euro) en 2021 (411 miljoen euro) (zie Tabel 13.5.4, Figuur 13.5.4). De vier pathogenen met de hoogste bijdrage aan de totale kosten waren norovirus (199 miljoen euro), toxineproducerende *Staphylococcus aureus* (74 miljoen euro), rotavirus (69 miljoen euro) en *Campylobacter* spp. (59 miljoen euro). De laagste bijdrage werd geleverd door hepatitis A-virus (2 miljoen euro). De grootste veranderingen in ziektekosten ten opzichte van 2023 werden waargenomen voor norovirus (+37 miljoen euro) en *Cryptosporidium* spp. (-19 miljoen euro). De gemiddelde kosten per ziektegeval (gediscounteerd op 4%) waren het hoogst voor perinatale infecties met *Listeria monocytogenes*, met een geschat bedrag van 256.000 euro per geval.

In Figuur 13.5.4 is de gemiddelde jaarlijkse CoI uitgesplitst naar drie kostencategorieën: zorgkosten, kosten voor patiënt/gezin en kosten in andere sectoren. De laatstgenoemde categorie omvat voornamelijk productiviteitsverliezen door werkverzuim van patiënten en mantelzorgers. Directe zorgkosten vertegenwoordigden 19 procent van de totale kosten voor de 14 pathogenen, de kosten voor patiënt/gezin 2 procent en de kosten in andere sectoren 79 procent. De verdeling over deze categorieën verschilde per pathogeen.

De gemiddelde CoI per pathogeen voor de jaren 2020–2024 zijn weergegeven in Figuur 13.5.5.

13.3.4. Attributie

De attributieresultaten voor de DALY en ziektekosten in 2024 zijn weergegeven in Tabel 13.5.5 voor de belangrijkste transmissieroutes en in Tabel 13.5.6 voor de verschillende voedselcategorieën. De ziektelast door voedseloverdraagbare infecties bedroeg 39 procent van de totale ziektelast (dat wil zeggen: 4.700 van de in totaal 12.000 DALY per jaar) en 33 procent van de totale kosten van ziekte (192 miljoen euro van het totaal van 566 miljoen euro). Ongeveer 62 procent van de voedselgerelateerde ziektelast werd toegeschreven aan vleesproducten (met name kip, varkensvlees, rund, lam en schaapvlees). Deze voedingsmiddelen waren ook verantwoordelijk voor naar schatting 56 procent van alle voedselgerelateerde sterfgevallen. Dat geeft aan dat de hiermee geassocieerde pathogenen ernstiger infecties veroorzaken dan pathogenen die van andere voedingsmiddelen komen.

De attributieschattingen zijn gebaseerd op een in 2023 uitgevoerde nieuwe expert-elicitatie, die een actualisatie vormt van de schattingen uit de eerdere studie van Havelaar et al. uit 2008 [9].

De attributieresultaten voor het aantal ziektegevallen, sterfgevallen, DALY en CoI in de periode 2020–2024 die gerelateerd zijn aan voedsel staan in de Tabellen B2.1, B2.2, B2.4 en B2.5 (zij Bijlage 2). De voedselgerelateerde ziektelast is in 2024 is gelijk gebleven ten opzichte van 2023. De bijbehorende ziektelastkosten zijn ook in feite bijna gelijk gebleven ten opzichte van 2023.

13.4 Discussie

Dit hoofdstuk biedt een volksgezondheidsperspectief op de ziektelast van 14 enterale pathogenen, vaak aangeduid als 'voedselgerelateerde pathogenen', in Nederland. De rangorde van deze pathogenen op basis van DALY verschilt van de rangorde op basis van incidentie alleen.

De totale BoD van de 14 voedselgerelateerde pathogenen in 2024 werd geschat op 12.000 DALY. Dit is iets hoger dan in 2023 (11.000 DALYs; + 9%) en 2022 (10.000 DALYs; +20%). De aan voedseltransmissie toe te schrijven ziektelast is hetzelfde gebleven ten opzichte van 2023. Voor norovirus *en* hepatitis A-virus nam de ziektelast in 2024 aanzienlijk toe ten opzichte van 2023. De ziektelast door *Campylobacter* spp., *Salmonella* spp. en *Listeria monocytogenes* was iets hoger dan die een van 2023.

De totale kosten van ziekte (CoI) van de 14 voedselgerelateerde pathogenen in 2024 werden geschat op 566 miljoen euro, een toename ten opzichte van 2023 (553 miljoen euro; +2%). De hoogste kosten werden veroorzaakt door norovirus. De aan voedseltransmissie toe te schrijven ziektekosten bedroegen in 2024 192 miljoen euro, die iets lager zijn dan in 2023 (193 miljoen euro; -0,5%). Voor norovirus, *Cryptosporidium* spp. en *Salmonella* spp. waren de ziektekosten in 2024 hoger dan zowel in 2022 als in het pre-covid-jaar 2019.

De attributieschattingen in dit rapport zijn geactualiseerd voor de periode na de COVID-19-pandemie en zijn gebaseerd op een nieuwe expert eilicitatie-studie. Ze zijn voor het eerst toegepast in deze vorm. Dit verklaart eventuele afwijkingen ten opzichte van de schattingen in eerdere ziektelastrapporten.

Samenvattend kan worden gesteld dat de totale ziektelast en de bijbehorende kosten door voedselgerelateerde infecties in Nederland in 2024 ongeveer gelijk zijn gebleven ten opzichte van 2023, maar iets hoger liggen dan in de pandemiejaren. Dit suggereert dat de volksgezondheidsimpact van deze pathogenen sinds 2023 is teruggekeerd naar het pre-pandemische niveau en sindsdien een opwaartse trend vertoont.

13.5 Tabellen en figuren

Tabel 13.5.1 Gemiddeld geschatte incidentie van ziektegevallen van gastro-enteritis en 95% onzekerheidsinterval (tussen haakjes), per pathogeen in Nederland, 2024

Pathogeen	**Ziektegevallen#**			**Sterftegevallen#**
	Algemene bevolking (x 1.000)	**Huisartsbezoeken (x 1.000)**	**Ziekenhuisopnames (x 1.000)**	
Bacteriën – infectieus				
Campylobacter spp.	55 (7-150)	13 (6-25)	1 (0,4-2)	45 (30-62)
STEC O157	2 (0,22-9)	0 (0-0)	0,02 (0,02-0,02)	4 (2-7)
Salmonella spp.	44 (4-140)	7 (4-12)	1 (0,47-2)	45 (39-51)
Bacteriën – toxineproducerend				
Bacillus cereus	54 (18-130)	8 (2-21)	0,22 (0,07-0,54)	0 (0-0)
Clostridium perfringens	170 (58-380)	32 (8-84)	0,31 (0,11-0,65)	5 (0,1-20)
Staphylococcus aureus	290 (130-560)	41 (12-97)	1 (0,65-3)	7 (0,16-28)
Virussen				
Norovirus	930 (620-1.300)	21 (12-34)	2 (0,96-3)	110 (45-210)
Rotavirus	180 (86-320)	10 (6-15)	6 (4-7)	32 (10-72)
Protozoën				
Cryptosporidium spp.	73 (22-180)	4 (2-8)	0,57 (0,22-1)	4 (0,08-20)
Giardia spp.	83 (41-170)	8 (4-13)	0,45 (0,04-1)	2 (0,05-9)

#De gepresenteerde cijfers zijn afgerond: ≥ 100.000 tot drie significante cijfers (bijvoorbeeld 123.256 = 123.000), tussen < 100.000 en ≥ 10 tot twee significante cijfers (bijvoorbeeld 1.325 = 1.300),en < 10 tot 1 significant cijfer (bijvoorbeeld 0,0023 = 0,002). De gepresenteerde cijfers zijn schattingen die gebaseerd zijn op jaarlijkse surveillancedata voor: i) dekking (waar van toepassing); ii) onder diagnose en onder rapportage; iii) en onder detectie (bijvoorbeeld ziek zijn zonder medische hulp nodig te hebben).

Tabel 13.5.2 Gemiddeld geschatte incidentie van ziektegevallen en 95% onzekerheidsinterval (tussen haakjes) van ziekten veroorzaakt door niet-gastro-intestinale pathogenen in Nederland, 2024

Pathogeen	**Ziektegevallen *gemiddelde (95% CI)***		**Sterftegevallen *gemiddelde (95% CI)***	
*Listeria monocytogenes**				
Perinataal	9		3	
Acquired	110		10	
Hepatitis A-virus[#]	1.200	(750-1.900)	4	(2-6)
Hepatitis E-virus[#]	590	(350-900)	7	(2-14)
Toxoplasma gondii[#]				
Congenitaal	310	(160-560)	11	(7-18)
Acquired**	430	(200-740)	0	

*Geen onzekerheid omdat gevallen van Listeria werden verkregen via surveillance. Het gerapporteerde aantal gevallen van listeriose omvat alleen gevallen met systemische symptomen. Milde gevallen van listeriose worden niet gemonitord en het aantal is daarom onbekend.
** Chorioretinitis alleen.
[#] De gepresenteerde cijfers zijn afgerond: ≥ 10 tot twee significante cijfers (bijvoorbeeld 1.325 = 1.300),
en < 10 tot 1 significant cijfer (bijvoorbeeld 0,0023 = 0,002).
[#] De gepresenteerde cijfers zijn schattingen die gebaseerd zijn op jaarlijkse surveillancedata voor: i) dekking (waar van toepassing); ii) onder diagnose en onder rapportage; iii) en onder detectie (bijvoorbeeld ziek zijn zonder medische hulp nodig te hebben).

Tabel 13.5.3 Gemiddeld totaal aantal DALY's per jaar, DALY's per 100.000 inwoners en DALY's per ziektegeval in Nederland, 2024

Pathogeen	**DALY/jaar**		**DALY per 100,000/jaar**		**DALY per geval**	
Discount rate	**0%**	**1,5%**	**0%**	**1,5%**	**0%**	**1,5%**
Bacteriën – infectieus						
Campylobacter spp,	2.600	2.300	14	13	0,05	0,04
STEC O157	150	120	0,85	0,66	0,07	0,05
Salmonella spp,	1.900	1.700	11	10	0,04	0,04
L, monocytogenes (perinatal)	310	180	2	0,99	35	20
L, monocytogenes (acquired)	88	83	0,49	0,46	0,83	0,78
L, monocytogenes (total)	400	260	2	1	3	2
Bacteriën – toxineproducerend						
Bacillus cereus	33	33	0,18	0,18	0,001	0,001
Clostridium perfringens	200	200	1	1	0,001	0,001
Staphylococcus aureus	220	210	1	1	0,001	0,001
Virussen						
Norovirus	3.000	2.700	17	15	0,003	0,003
Rotavirus	950	840	5	5	0,005	0,005
Hepatitis A-virus	130	100	0,72	0,57	0,11	0,09
Hepatitis E-virus	230	180	1	1	0,4	0,32
Protozoën						
Cryptosporidium spp,	130	120	0,71	0,68	0,002	0,002
Giardia spp,	220	220	1	1	0,003	0,003
Toxoplasma gondii (congenital)	1.500	850	8	5	5	3
Toxoplasma gondii (acquired)	290	210	2	1	0,66	0,49
Toxoplasma gondii (total)	1.800	1.100	10	6	2	1

De gepresenteerde cijfers zijn afgerond:≥ 100.000 tot drie significante cijfers (bijvoorbeeld 123.256 = 123.000); tussen <100.000 en ≥10 tot twee significante cijfers (bijvoorbeeld 1.325 = 1.300); en <10 tot één significant cijfer (bijvoorbeeld 0,0023 = 0,002). De gepresenteerde cijfers zijn schattingen die gebaseerd zijn op jaarlijkse surveillancedata voor: i) dekking (waar van toepassing); ii) onder diagnose en onder rapportage; iii) en onder detectie (bijvoorbeeld ziek zijn zonder medische hulp nodig te hebben).

Tabel 13.5.4 Geschatte gemiddelde totale ziektekosten (Cost of Illness, CoI), gemiddelde CoI per 100.000 inwoners en gemiddelde CoI per ziektegeval in Nederland, 2024

	Pathogeen	**COI/jaar (M€)#**		**COI per 100,000 (k€)#**		**COI per geval (€)#**	
	Discount rate	**0%**	**4%**	**0%**	**4%**	**0%**	**4%**
Bacteriën – infectieus	*Campylobacter* spp.	64	59	350	330	1.100	1.100
	STEC O157	14	7	76	39	6.300	3.200
	Salmonella spp.	35	32	200	180	800	730
	L. monocytogenes (perinataal)	6	2	36	13	719.000	256.000
	L. monocytogenes (acquired)	4	3	21	19	35.000	33.000
	L. monocytogenes (totaal)	10	6	57	32	88.000	50.000
Bacteriën – toxine-producerend	*Bacillus cereus*	14	14	79	79	260	260
	Clostridium perfringens	37	37	210	210	210	210
	Staphylococcus aureus	76	76	430	430	260	260
Virussen	Norovirus	200	200	1100	1100	220	220
	Rotavirus	69	69	380	380	380	380
	Hepatitis A-virus	2	2	13	13	2.000	2.000
	Hepatitis E-virus	3	3	19	19	5.800	5.800
Protozoën	*Cryptosporidium* spp.	23	23	130	130	320	320
	Giardia spp.	20	20	110	110	240	240
	Toxoplasma gondii (congenitaal)	51	16	280	91	162.000	52.000
	Toxoplasma gondii (acquired)	2	2	9	8	3.500	3.500
	Toxoplasma gondii (totaal)	52	18	290	99	70.000	24.000

#De totale COI per jaar wordt weergegeven in miljoen € (M€) en als minder dan 1 miljoen afgerond op één significant cijfer (bijvoorbeeld 0,0023 miljoen = 0,002). COI per 100.000 en COI per geval worden als volgt afgerond: ≥ 100.000 op drie significante cijfers (bijv. 123.256 = 123.000 of 123 k€); tussen <100.000 en ≥10 op twee significante cijfers (bijv. 1.325 = 1.300 of 1,3 k€). De gepresenteerde gegevens zijn schattingen die gebaseerd zijn op jaarlijkse surveillancedata, waarbij is gecorrigeerd voor: i) dekking (waar van toepassing); ii) onderdiagnose en onderrapportage; en iii) onderregistratie (d.w.z. ziek zijn zonder medische hulp in te schakelen).

Tabel 13.5.5 Attributie van het geschatte gemiddelde aantal ziektegevallen, sterftegevallen, ziektelast en kosten van voedselgerelateerde[a] infectieziekten aan de belangrijkste transmissieroutes in Nederland, 2024

	Voedsel	Drink-water	Oppervlak-tewater	Overige milieu	Dieren	Mens-mens	Reis	Totaal
Aantal ziekte-gevallen per jaar[b]	559.000	18.000	79.000	94.000	65.000	918.000	157.000	1.891.000
Aantal sterfte gevallen per jaar[b]	91	2	15	13	13	120	36	290
Ziektelast (DALY)[b]	4.700	65	730	660	690	3.500	1.600	12.000
Ziektekosten (M€, gedisconteerd (4%))[c]	192	5	28	27	26	233	56	566

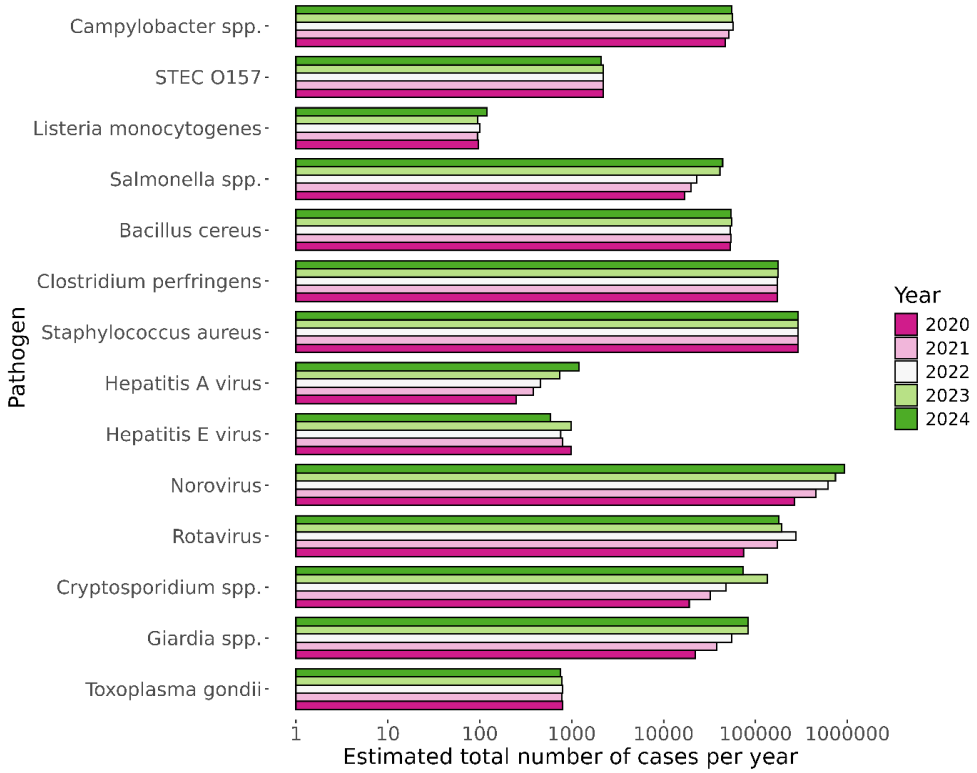
a) Van de 14 pathogenen die in deze studie zijn opgenomen.
b) De gepresenteerde aantallen zijn afgerond: ≥ 100.000 op drie significante cijfers (bijvoorbeeld 123.256 = 123.000); tussen <100.000 en ≥10 op twee significante cijfers (bijv. 1.325 = 1.300); en <10 op één significant cijfer (bijv. 0,0023 = 0,002). De gepresenteerde aantallen zijn schattingen die gebaseerd zijn op jaarlijkse surveillancedata, waarbij is gecorrigeerd voor: i) dekking (indien van toepassing); ii) onderdiagnose en onderrapportage; en iii) onderherkenning (dat wil zeggen ziek zijn zonder medische hulp te zoeken). C) Kosten zijn uitgedrukt in miljoenen euro (M€).

Tabel 13.5.6 Attributie van het geschatte gemiddelde aantal ziektegevallen, sterfgevallen, ziektelast en kosten van voedselgerelateerde[a] infectieziekten aan de belangrijkste voedsel groepen in Nederland, 2024

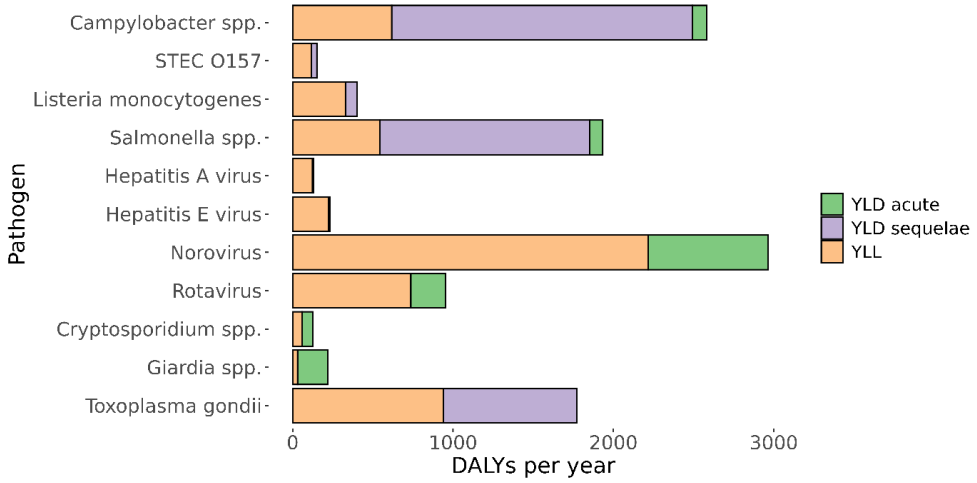
	Aantal gevallen per jaar[b]	**Aantal sterfte gevallen per jaar[b]**	**Ziekte-last (DALY)[b]**	**Ziektekosten (M€, gedisconteerd (4%))[c]**
Verwerkt kippenvlees	33.000	3	110	9
Niet-verwerkte kippenvlees	32.000	10	540	16
Overig pluimveevlees	20.000	5	270	9
Verwerkt rundvlees	32.000	4	230	10
Niet-verwerkte rundvlees	29.000	8	590	15
Verwerkt varkensvlees	29.000	7	330	11
Niet-verwerkt varkensvlees	27.000	7	400	11
Kalfsvlees	15.000	2	120	5
Schapenvlees	13.000	2	150	5
Geitenvlees	13.000	1	66	4
Overige vleessoorten	12.000	2	110	4
Eieren	26.000	12	510	12
Zuivelproducten	29.000	3	140	9
Schelpdieren	26.000	3	160	8
Vis en schaaldieren	13.000	3	150	5
Fruit	17.000	3	140	6
Groenten	23.000	3	200	8
Granen, ontbijtgranen, pasta, brood en andere bakkerijproducten	26.000	2	84	8
Voedselbereiders en ongedierte	113.000	10	370	30
Overige voedingsmiddelen	31.000	2	74	8
Totaal	**559.000**	**91**	**4.700**	**192**

a) Van de 14 pathogenen die in deze studie zijn opgenomen.
b) De gepresenteerde aantallen zijn afgerond: ≥ 100.000 op drie significante cijfers (bijvoorbeeld 123.256 = 123.000); tussen <100.000 en ≥10 op twee significante cijfers (bijvoorbeeld 1.325 = 1.300); en <10 op één significant cijfer (bijvoorbeeld 0,0023 = 0,002). De gepresenteerde aantallen zijn schattingen die gebaseerd zijn op jaarlijkse surveillancedata, waarbij is gecorrigeerd voor: i) dekking (indien van toepassing); ii) onderdiagnose en onderrapportage; en iii) onderherkenning, (dat wil zeggen ziek zijn zonder medische hulp te zoeken).
c) Kosten zijn uitgedrukt in miljoenen euro (M€).

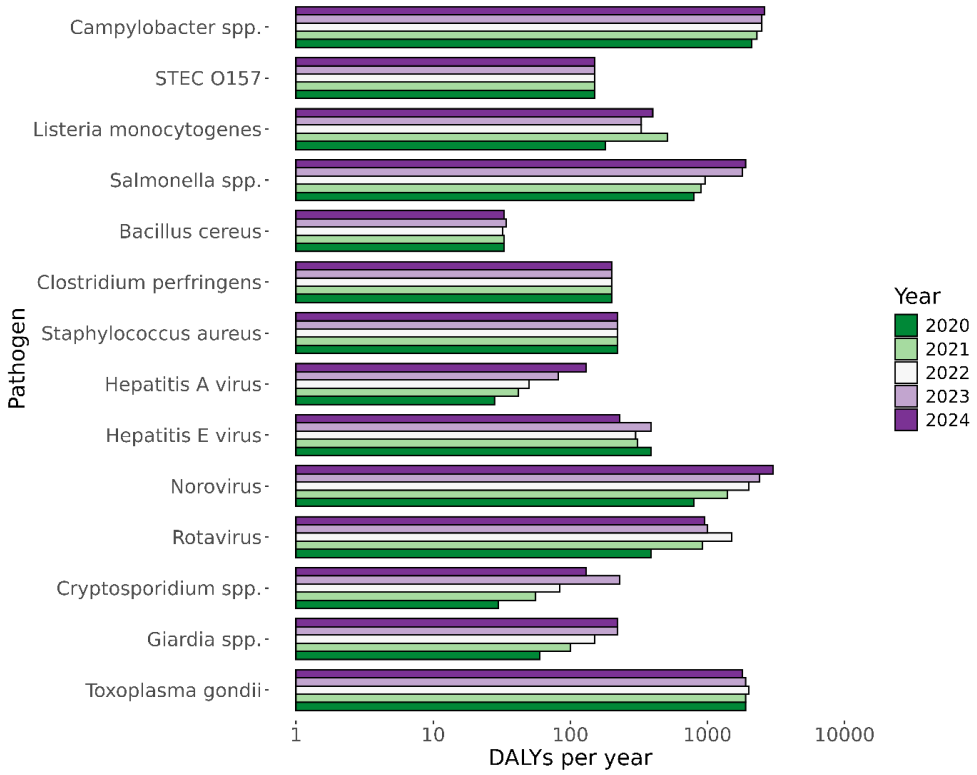
Figuur 13.5.1 Vergelijking van het gemiddeld geschatte aantal incidentiegevallen van voedselgerelateerde pathogenen, 2020–2024



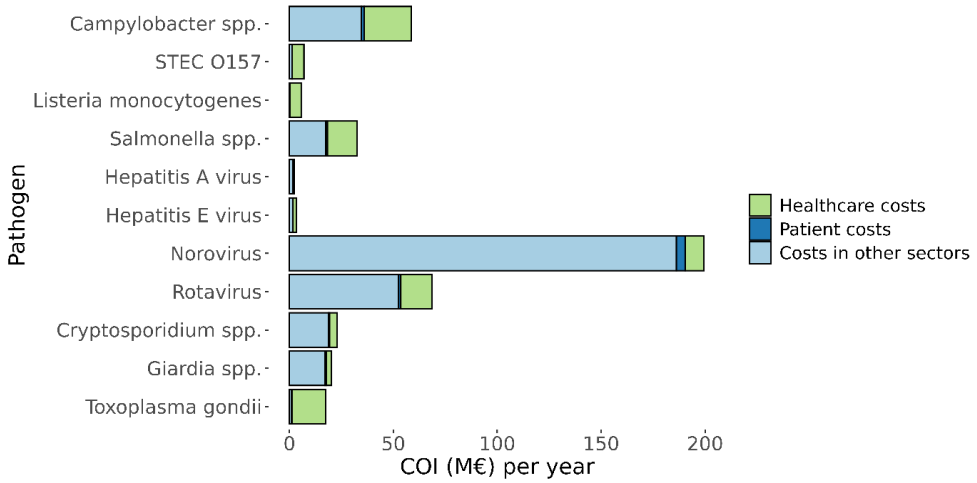
Figuur 13.5.2 Gemiddelde DALY per jaar veroorzaakt door voedselgerelateerde pathogenen in 2024, uitgesplitst in YLD door acute infecties, YLD ten gevolge van sequelae en YLL door voortijdige sterfte



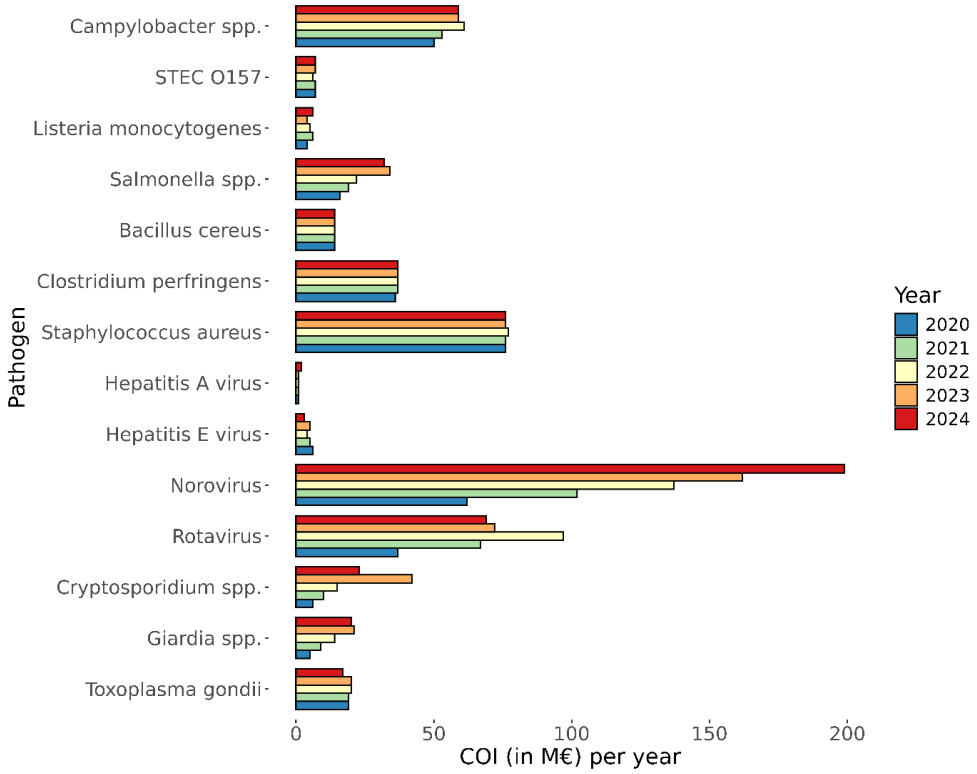
Figuur 13.5.3 Vergelijking van de ziektelast (ongedisconteerde DALY) door voedselgerelateerde pathogenen in de periode 2020–2024



Figuur 13.5.4 Gemiddelde jaarlijkse ziektekosten (Cost-of-Illness, CoI; verdisconteerd) door voedselgerelateerde pathogenen in 2024, uitgesplitst naar zorgkosten, kosten voor patiënt/gezin en kosten in andere sectoren



Figuur 13.5.5 Vergelijking van de ziektelastkosten (miljoen euro, gedisconteerd tegen 4% en uitgedrukt in 2024 euro) van voedselgerelateerde pathogenen in de periode 2020–2024



14 Discussie en conclusies

Deze jaarrapportage over 2024 beschrijft de incidentie van de individuele ziekteverwekkers die via voedsel overgedragen kunnen worden, het vóórkomen van voedselgerelateerde uitbraken, en de ziektelast (inclusief kosten) geassocieerd met deze ziekteverwekkers.

De totale incidentie van deze groep pathogenen in 2024 werd geschat op 1.891.000 zieken, met een ziektelast van 12.000 DALY en een kostenpost van 566 miljoen euro. Dit is iets hoger dan in 2023 (11.000 DALYs; +9%) en 2022 (10.000 DALYs; +20%). Van deze totale ziektelast is ongeveer 39 procent toe te schrijven aan voedsel als transmissieroute, wat gelijk is aan 2023. Andere transmissieroutes betreffen mens-op-mens (29%), reizen (13%), milieu (12%) en diercontact (6%). De volksgezondheidsimpact van deze pathogenen is sinds 2023 teruggekeerd naar het pre-pandemische niveau en vertoont sindsdien een licht opwaartse trend.

Het totaal aantal gemelde voedselgerelateerde uitbraken is in 2024 (n=1.179), na een lager aantal in 2023, op het niveau van 2022 (1.173 uitbraken). Dit niveau is aanmerkelijk hoger dan in de periode voor de COVID-19 pandemie (2015-2019). De reden daarvan is onbekend. Het aan deze uitbraken gerelateerde aantal zieken lag in 2024 aanzienlijk hoger dan in 2023, maar dat was vooral te wijten aan één grote norovirus-uitbraak in Zuidwest-Nederland. De belangrijkste verwekkers gerelateerd aan de uitbraken in 2024 waren norovirus en *Salmonella*. De twee meest opvallende, landelijke, uitbraken waarbij succesvol een bron kon worden gevonden, betroffen een *Salmonella*-uitbraak gerelateerd aan droge worst en een hepatitis A-uitbraak gerelateerd aan bevroren blauwe bessen.

In 2024 was er een aantal opvallende epidemiologische trends onder de individuele ziekteverwekkers *Salmonella* Enteritidis, STEC, hepatitis A-virus, norovirus en *Listeria monocytogenes*.

***Salmonella* Enteritidis**. Net als in 2023 was het aantal *S*. Enteritidis-patiënten in 2024 sterk verhoogd ten opzichte van 2015-2019. Waar het in 2023 nog vooral te wijten was aan een grote uitbraak (gerelateerd aan eierschalen), betrof dit in 2024 een algemene verheffing van een factor 2-2,5 gedurende het hele jaar met een grote diversiteit aan genotypen en kleine clusters. Dit is indicatief voor een brede en diverse infectiedruk vanuit de primaire productie (leghennen) die sinds medio 2023 sterk is toegenomen en zich reflecteert in de toename van patiënten. Ondanks al ingezette maatregelen (zoals een boostervaccinatie bij leghennen en een verhoogde testfrequentie bij een deel van de leghenbedrijven), neemt het aantal humane besmettingen van *Salmonella* Enteritidis in 2025 nog steeds toe. Het is van belang om onderzoek in de leghensector te doen naar de onderliggende oorzaken van het toegenomen aantal *Salmonella*-besmettingen en naar transmissieroutes binnen en tussen bedrijven.

STEC-infecties. In 2022, 2023 en 2024 werd een hoger aantal STEC-infecties gezien in vergelijking met de jaren vóór de coronapandemie. In 2024 betrof het zelfs het hoogste aantal infecties sinds de aanscherping van de meldplicht in 2016. De stijging betreft met name andere serotypen (O145, O103 en O71) dan de meest voorkomende O157 en O26. Dit kan indicatief zijn voor een verandering in bronnen en transmissieroutes. Een eerder uitgevoerde bronattributiestudie voor STEC liet zien dat runderen en kleine herkauwers de voornaamste bronnen zijn voor humane infectie, maar dat ongeveer 15 procent van de humane infecties niet geattribueerd konden worden [18]. Dit betrof uitsluitend andere serotypen dan O157. Ondanks een One Health-database voor STEC, waarbij WGS-data van isolaten van patiënten, voedsel en dieren worden samengebracht, is er een relatief slecht beeld van specifieke bronnen van infecties in Nederland. In deze gecombineerde dataset zien we weinig overlap op WGS-niveau tussen de isolaten van patiënten en bronnen [61]. Op basis hiervan is gesuggereerd dat er wellicht andere bronnen en transmissieroutes in de monitoring van dieren/voedsel en humane surveillance bekeken moeten worden, waaronder het belang van niet-zoönotische STEC en onder-gerepresenteerde voedselbronnen als groenten, granen, pluimveevlees, maar ook contact met rauw huisdierenvoedsel. Ook op EU-niveau werd in 2022 en 2023 een hogere incidentie gezien dan vóór de COVID-19-pandemie [62].

Hepatitis A. Het aantal hepatitis A-gevallen gerelateerd aan voedsel was in 2024 opvallend hoog. Dit was te wijten aan twee uitbraken die plaatsvonden aan het einde van het jaar. Een van deze twee uitbraken was gerelateerd aan diepgevroren blauwe bessen. De andere uitbraak was waarschijnlijk gerelateerd aan de consumptie van besmette druiven, maar dat is niet microbiologisch bevestigd (onder andere door de korte houdbaarheidsdatum van dit type product). Vers fruit is een bekend risicoproduct voor hepatitis A. Over het geheel gezien, worden echter de meeste hepatitis A-gevallen opgelopen in het buitenland en als secundair geval.

Norovirus. Het aantal norovirus-infecties lag in 2023/2024 opvallend hoger dan in de vijf jaren vóór de COVID-19-pandemie. Opmerkelijk was ook de verheffing gedurende de weken 13–17, wat buiten het reguliere norovirus-seizoen valt. Deze toename is mogelijk toe te schrijven aan een verandering in het meest circulerende genotype vanaf het voorjaar van 2024 (II.17 in plaats van het voorheen dominante II.4). Hierdoor hebben mensen mogelijk minder immuniteit tegen dit voorheen minder voorkomende genotype.

Listeriose. Het aantal listeriose-meldingen was in 2024 met 115 patiënten hoger dan het mediane aantal meldingen in de periode 2015-2023 (n=95), maar vergelijkbaar met eerdere pieken in 2017 en 2019. Op EU-niveau werd in 2022 en 2023 een hogere incidentie gezien dan voor de COVID-19-pandemie [62]. In Nederland zijn de gedecteerde clusters opvallend vaak gerelateerd aan visproducten, terwijl op EU-niveau deze producten beduidend minder vaak besmet zijn dan vleesgerelateerde producten. Opvallend is ook dat op EU-niveau de proportie positieve monsters juist daalde. De epidemiologie van *Listeria* wordt gekenmerkt door het veel voorkomen van temporeel

persisterende clusters, wat duidt op de aanwezigheid van persistente bronnen. Het handelingsperspectief om de incidentie omlaag te krijgen, ligt met name op de identificatie van deze bronnen.

In 2024 lieten rotavirus en hepatitis E-virus een aanzienlijke daling zien in het aantal ziektegevallen in vergelijking met 2023. Rotavirusvaccinatie is voor kinderen die geboren zijn vanaf januari 2024 opgenomen in het Rijksvaccinatieprogramma. Sinds de piek in hepatitis E-infecties in 2015/2016 is er sprake van een langjarige daling die waarschijnlijk gerelateerd kan worden aan maatregelen op slachtniveau (varkens) en de hieraan gerelateerde voedselproductie.

Samengevat kan gesteld worden dat het aantal voedselgerelateerde infecties en de daarbij behorende ziektelast en kosten licht zijn gestegen in 2024 ten opzichte van 2023. Het aantal uitbraken ligt, net als in 2022, op aanzienlijk hoger niveau dan vóór de COVID-19-pandemie. De meest opvallend stijging in 2024 betrof *Salmonella* Enteritidis. Deze verheffing zet zich door in 2025. Gecoördineerde actie is nodig om de prevalentie in de leghensector omlaag te brengen en de blootstelling naar de bevolking te verlagen.

Dankbetuiging

Dit rapport is voor een groot deel 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) in samenwerking met de Nederlandse **Werkgroep Klinische Virologie (NVMM).**
- **Artsen** en **GGD'en** die de OSIRIS-meldingen hebben verzorgd.
- **Diergeneeskunde-Universiteit Utrecht (DWHC)**: Jolianne Rijks.
- **Nationaal Referentie Laboratorium Bacteriële Meningitis (NRLBM)-Amsterdam UMC**: Nina van Sorge.
- **Nederlandse Voedsel- en Waren Autoriteit (NVWA)**: Marcel Spierenburg, Paul in 't Veld, Vanessa Visser, Coen van der Weijden.
- **Wageningen Bioveterinary Research (WBVR)**: Miriam Koene.
- **Wageningen Food Safety Research (WFSR):** Greetje Castelijn, Ralph Litjens, Menno van der Voort.
- **RIVM**: Jorrit Hofstra, Daan Notermans, Thomas Roodsant, Harry Vennema.

Literatuur

1. Newell DG, Koopmans M, Verhoef L, Duizer E, Aidara-Kane A, Sprong H, et al. Food-borne diseases - The challenges of 20 years ago still persist while new ones continue to emerge. International Journal of Food Microbiology. 2010;139(Suppl. 1):S3–S15.
2. Tauxe RV, Doyle MP, Kuchenmuller T, Schlundt J, Stein CE. Evolving public health approaches to the global challenge of foodborne infections. International Journal of Food Microbiology. 2010;139 Suppl 1:S16–28.
3. World Health Organization (WHO) – Foodborne Disease Burden Epidemiology Reference Group 2007–2015. WHO Estimates of the Global Burden of Foodborne Diseases. Switzerland: World Health Organization (WHO); 2015.
4. Chlebicz A, Slizewska K. Campylobacteriosis, Salmonellosis, Yersiniosis, and Listeriosis as Zoonotic Foodborne Diseases: A Review. Int J Environ Res Public Health. 2018;15(5).
5. Kirk MD, Pires SM, Black RE, Caipo M, Crump JA, Devleesschauwer B, et al. World Health Organization Estimates of the Global and Regional Disease Burden of 22 Foodborne Bacterial, Protozoal, and Viral Diseases, 2010: A Data Synthesis. PLoS Med. 2015;12(12):e1001921.
6. Aalten M, De Jong A, Stenvers O, Braks M, Friesema I, Maassen K, et al. Staat van zoönosen 2010. Bilthoven / Den Haag: RIVM / nVWA; 2011.
7. Friesema IHM, Slegers-Fitz-James IA, Wit B, Boxman ILA, Franz E. Registratie voedselgerelateerde uitbraken in Nederland, 2023. Bilthoven: RIVM; 2024. https://www.rivm.nl/bibliotheek/rapporten/2024-0098.pdf
8. Havelaar AH, Haagsma JA, Mangen MJ, Kemmeren JM, Verhoef LPB, Vijgen SMC, et al. Disease burden of foodborne pathogens in the Netherlands, 2009. International Journal of Food Microbiology. 2012;156(3):231–8.
9. Havelaar AH, Galindo AV, Kurowicka D, Cooke RM. Attribution of foodborne pathogens using structured expert elicitation. Foodborne pathogens and disease. 2008;5(5):649–59.
10. RIVM. Virologische weekstaten. 2023 [cited. Available from: https://www.rivm.nl/virologische-weekstaten.
11. Mughini-Gras L, Pijnacker R, Coipan C, Mulder AC, Fernandes Veludo A, de Rijk S, et al. Sources and transmission routes of campylobacteriosis: A combined analysis of genome and exposure data. J Infect. 2021;82(2):216–26.
12. Bouwknegt M, Van Pelt W, Kubbinga M, Weda M, Havelaar A. 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).
13. DuPont HL, Levine MM, Hornick RB, Formal SB. Inoculum size in shigellosis and implications for expected mode of transmission. J Infect Dis. 1989;159(6):1126–8.
14. Pijnacker R, Friesema IHM, Franz E, W. VP. Trends van shigellosemeldingen in Nederland, 1988-2015. Infectieziekten bulletin. 2017;28(4):8.

15. Kotloff KL, Riddle MS, Platts-Mills JA, Pavlinac P, Zaidi AKM. Shigellosis. Lancet (London, England). 2018;391(10122):801–12.
16. van den Beld M, Pijnacker R, van Dam A, Bovee L, Kwa D, Linde I, et al. 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. 2023;9(4).
17. European Centre for Disease Prevention and Control. Communicable Disease Threats Report, week 41, 5-11 October 2024. Solna, Sweden: ECDC; 2024.
18. Mughini-Gras L, van Pelt W, van der Voort M, Heck M, Friesema I, Franz E. 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):e8–e22.
19. Friesema IH, Van De Kassteele J, De Jager CM, Heuvelink AE, Van Pelt W. Geographical association between livestock density and human Shiga toxin-producing *Escherichia coli* O157 infections. Epidemiology and Infection. 2011;139(7):1081–7.
20. Smith JL, Fratamico PM, Gunther NW. Shiga Toxin-Producing *Escherichia coli*. Advances in Applied Microbiology. 2014;86:145–97.
21. Friesema IHM, Kuiling S, van der Voort M, in 't Veld PH, Heck MEOC, Franz E. Surveillance van Shiga toxine-producerende Escherichia coli (STEC) in Nederland, 2016. Infectieziekten Bulletin. 2017;28(7):228–35.
22. Ranasinghe RASS, Satharasinghe DA, Tang JYH, Rukayadi Y, Radu KR, New CY, et al. Persistence of Listeria monocytogenes in food commodities: foodborne pathogenesis, virulence factors, and implications for public health. Food Research. 2021;5(1):1–19.
23. Filipello V, Mughini-Gras L, Gallina S, Vitale N, Mannelli A, Pontello M, et al. Attribution of Listeria monocytogenes human infections to food and animal sources in Northern Italy. Food Microbiol. 2020;89:103433.
24. Schlech WF. Epidemiology and Clinical Manifestations of Listeria monocytogenes Infection. Microbiol Spectr. 2019;7(3).
25. Maertens de Noordhout C, Devleesschauwer B, Angulo FJ, Verbeke G, Haagsma J, Kirk M, et al. The global burden of listeriosis: a systematic review and meta-analysis. The Lancet Infectious diseases. 2014;14(11):1073–82.
26. Ruppitsch W, Pietzka A, Prior K, Bletz S, Fernandez HL, Allerberger F, 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):2869–76.
27. Shin EC, Jeong SH. Natural History, Clinical Manifestations, and Pathogenesis of Hepatitis A. Cold Spring Harb Perspect Med. 2018;8(9).

28. European Centre for Disease Prevention and Control. Epidemiological update: hepatitis A outbreak in the EU/EEA mostly affecting men who have sex with men. Stockholm: ECDC; 2018 [cited 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.
29. Friesema IHM, Sonder GJ, Petrignani MWF, Meiberg AE, Van Rijckevorsel GG, Ruijs WL, 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):pii=1800265.
30. LCI-RIVM. Richtlijn Botulisme. 2019 [cited. Available from: https://lci.rivm.nl/richtlijnen/botulisme.
31. Hintaran AD, Pruissen DMO, Stam AJ, Engelsma ME, Janse LE, Fanoy E, et al. Botulisme bij een Poolse arbeider in Zeist. Tijdschr Infectieziekten. 2017;12(3):84–7.
32. LCI-RIVM. Richtlijn Brucellose. 2007 [cited. Available from: https://lci.rivm.nl/richtlijnen/brucellose.
33. Leclercq SO, Cloeckaert A, Zygmunt MS. Taxonomic Organization of the Family Brucellaceae Based on a Phylogenomic Approach. Front Microbiol. 2019;10:3083.
34. Krivokapich SJ, Pozio E, Gatti GM, Prous CL, Ribicich M, Marucci G, et al. Trichinella patagoniensis n. sp. (Nematoda), a new encapsulated species infecting carnivorous mammals in South America. Int J Parasitol. 2012;42(10):903–10.
35. Pozio E. World distribution of Trichinella spp. infections in animals and humans. Vet Parasitol. 2007;149(1-2):3–21.
36. Jovic S, Djordjevic M, Kulisic Z, Pavlovic S, Radenkovic B. Infectivity of Trichinella spiralis larvae in pork buried in the ground. Parasite. 2001;8(2 Suppl):S213–5.
37. Lacour SA, Heckmann A, Mace P, Grasset-Chevillot A, Zanella G, Vallee I, et al. Freeze-tolerance of Trichinella muscle larvae in experimentally infected wild boars. Vet Parasitol. 2013;194(2-4):175–8.
38. Pozio E. The broad spectrum of Trichinella hosts: from cold- to warm-blooded animals. Vet Parasitol. 2005;132(1-2):3–11.
39. LCI-RIVM. Richtlijn Trichinellose. 2010 [cited. Available from: https://lci.rivm.nl/richtlijnen/trichinellose.
40. Barruet R, Devez A, Dupouy-Camet J, Karadjian G, Plavsa D, Chyderiotis G, et al. A common source for a trichinellosis outbreak reported in France and Serbia in 2017. Euro Surveill. 2020;25(24).
41. Pavic S, Andric A, Sofronic-Milosavljevic LJ, Gnjatovic M, Mitic I, Vasilev S, et al. Trichinella britovi outbreak: Epidemiological, clinical, and biological features. Med Mal Infect. 2020;50(6):520–4.
42. Stroffolini G, Rossi L, Lupia T, Faraoni S, Paltrinieri G, Lipani F, 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;47:102308.

43. Gomez-Morales MA, Mazzarello G, Bondi E, Arenare L, Bisso MC, Ludovisi 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):29–37.
44. Messiaen P, Forier A, Vanderschueren S, Theunissen C, Nijs J, Van Esbroeck M, et al. Outbreak of trichinellosis related to eating imported wild boar meat, Belgium, 2014. Euro Surveill. 2016;21(37).
45. Peju M, Granier B, Garnaud C, Brenier-Pinchart M-P, Vallée I, Chevillot A, et al. A Trichinella britovi outbreak in the Northern Alps of France: investigation by a local survey network. Parasite. 2023;30:14.
46. Manesh A, Meltzer E, Jin C, Britto C, Deodhar D, Radha S, et al. Typhoid and paratyphoid fever: a clinical seminar. J Travel Med. 2021;28(3).
47. Masuet-Aumatell C, Atouguia J. Typhoid fever infection - Antibiotic resistance and vaccination strategies: A narrative review. Travel Med Infect Dis. 2021;40:101946.
48. Sack DA, Sack RB, Nair GB, Siddique AK. Cholera. Lancet (London, England). 2004;363(9404):223–33.
49. LCI-RIVM. Richtlijn Cholera. 2019 [cited. Available from: https://lci.rivm.nl/richtlijnen/cholera.
50. Lund BM. Microbiological Food Safety for Vulnerable People. Int J Environ Res Public Health. 2015;12(8):10117–32.
51. Friesema IH, Slegers-Fitz-James IA, Wit B, Franz E. Surveillance and characteristics of food-borne outbreaks in the Netherlands, 2006 to 2019. Euro Surveill. 2022;27(3).
52. White AE, Jackson C, Kisselburgh H, Ledbetter C, Scallan Walter E. Using Outbreak Data for Hypothesis Generation: A Vehicle Prediction Tool for Disease Outbreaks Caused by Salmonella and Shiga Toxin-Producing Escherichia coli. Foodborne pathogens and disease. 2022;19(4):281–9.
53. Sarno E, Pezzutto D, Rossi M, Liebana E, Rizzi V. A Review of Significant European Foodborne Outbreaks in the Last Decade. Journal of Food Protection. 2021;84(12):2059–70.
54. Schlinkmann KM, Razum O, Werber D. Characteristics of foodborne outbreaks in which use of analytical epidemiological studies contributed to identification of suspected vehicles, European Union, 2007 to 2011. Epidemiology and Infection. 2017:1–8.
55. Brown LG, Hoover ER, Selman CA, Coleman EW, Schurz Rogers H. Outbreak characteristics associated with identification of contributing factors to foodborne illness outbreaks. Epidemiology and Infection. 2017;145(11):2254–62.
56. Olsen SJ, MacKinnon LC, Goulding JS, Bean NH, Slutsker L. Surveillance for foodborne-disease outbreaks--United States, 1993-1997. MMWR CDC Surveill Summ. 2000;49(1):1–62.
57. CDC. Surveillance for foodborne disease outbreaks - United States, 2007. Morbidity and Mortality Weekly Report. 2010;59(31):973–9.
58. Friesema IHM, Slegers-Fitz-James IA, Wit B, Franz E. Voedselgerelateerde uitbraken in Nederland, 2006-2017. Bilthoven: RIVM; 2019. https://www.rivm.nl/bibliotheek/rapporten/2019-0059.pdf

59. Friesema IHM, Slegers-Fitz-James IA, Wit B, Franz E. Registratie voedselgerelateerde uitbraken in Nederland, 2018-2019. Bilthoven: RIVM; 2020. https://www.rivm.nl/bibliotheek/rapporten/2020-0131.pdf
60. Benincà E, Pijnacker R, Friesema IHM, Kretzschmar M, Franz E, Mughini Gras L. Disease burden of food-related pathogens in the Netherlands, 2023. Bilthoven: RIVM; 2025. https://www.rivm.nl/bibliotheek/rapporten/2024-0146.pdf
61. Friesema IH, van der Voort M, Wit B, van Hoek AH, van den Beld MJ, van der Weijden C, et al. Cross-sectoral genomic surveillance reveals a lack of insight in sources of human infections with Shiga toxin-producing Escherichia coli, the Netherlands, 2017 to 2023. Euro Surveill. 2024;29(49).
62. European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention Control. The European Union One Health 2023 Zoonoses report. EFSA Journal. 2024;22(12):e9106.

Afkortingenlijst

BoD	Burden of Disease/ziektelast
BoNT	Botulinum neurotoxines
CBS	Centraal Bureau voor de Statistiek
cgMLST	core genome Multi-Locus Sequence Typing
CIb	Centrum Infectieziektebestrijding
CoI	Cost of Illness/ziektekosten
DALY	Disability Adjusted Life Years
DHD	Dutch Hospital Data
ECDC	European Centre for Disease Control
EFSA	European Food Safety Agency
GGD	Gemeentelijke/Gemeenschappelijke Gezondheidsdienst
HAV	Hepatitis A-virus
HEV	Hepatitis E-virus
HUS	hemolytisch-uremisch syndroom
ICD	International Statistical Classification and Related Health Problem
ISIS-AR	Infectieziekten Surveillance Informatie Systeem voor Antibiotica Resistentie
LMR	Landelijke Medische Registratie
MSM	Mannen die seks hebben met mannen
NRLBM	Nederlands Referentie Laboratorium voor Bacteriële Meningitis
NVMM	Nederlandse Vereniging voor Medische Microbiologie
NVWA	Nederlandse Voedsel en Waren Autoriteit
RIVM	Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu
STEC	Shiga toxine-producerende *Escherichia coli*
WBVR	Wageningen Bioveterinary Research
WFSR	Wageningen Food Safety Research
WGS	Whole Genome Sequencing
Wpg	Wet publieke gezondheid

Bijlage 1 Overzichtstabellen voedselgerelateerde uitbraken

Tabel B1.1 Aantal uitbraken en ziektegevallen, totaal, 2006-2024.

Jaar	Uitbraken (n)	Zieken (n)	Gemiddeld aantal zieken per uitbraak	Bij beide gemeld (meldingen)	Bij beide gemeld (zieken)
2006	334	1.618	4,8	15	475
2007	339	1.667	4,9	19	461
2008	323	1.837	5,7	17	425
2009	252	1.093	4,3	17	221
2010	247	1.204	4,9	10	160
2011	217	1.006	4,6	12	184
2012	276	2.631	9,5	22	1.559
2013	292	1.490	5,1	18	483
2014	206	1.640	8,0	17	626
2015	406	1.851	4,6	19	512
2016	594	2.731	4,6	21	573
2017	680	3.080	4,5	25	642
2018	756	2.805	3,7	12	275
2019	736	3.060	4,2	9	196
2020	558	1.905	3,4	8	153
2021	842	3.530	4,2	19	766
2022	1.173	4.505	3,8	10	203
2023	912	3.502	3,8	9	347
2024	1.179	5.388	4,6	9	1.013

Tabel B1.2 Aantal uitbraken en ziektegevallen, NVWA, 2006-2024.

Jaar	Uitbraken (n)	Zieken bij uitbraken (n)	Gemiddeld aantal zieken per uitbraak
2006	300	1.384	4,6
2007	313	1.499	4,8
2008	297	1.549	5,2
2009	229	943	4,1
2010	216	1.022	4,7
2011	185	799	4,3
2012	251	2.500	10,0
2013	272	1.380	5,1
2014	196	1.592	8,1
2015	398	1.814	4,6
2016	583	2.649	4,5
2017	674	3.042	4,5
2018	736	2.714	3,7
2019	718	2.774	3,9
2020	550	1.857	3,4
2021	833	3.402	4,1
2022	1.168	4.439	3,8
2023	898	3.423	3,8
2024	1.171	5.301	4,5

Tabel B1.3 Aantal uitbraken en ziektegevallen, GGD'en, 2006-2024.

Jaar	Uitbraken (n)	Zieken (n)	Gemiddeld aantal zieken per uitbraak	Ziekenhuis -opnames (n)	Overleden (n)
2006	49	709	14,5	80	0
2007	45	629	14,0	70	0
2008	43	713	16,6	85	3
2009	40	371	9,3	29	2
2010	41	342	8,3	73	3
2011	44	391	8,9	34	0
2012	47	1.690	36,0	86	4
2013	38	593	15,6	15	1
2014	27	674	25,0	16	0
2015	27	549	20,3	30	0
2016	32	655	20,5	25	0
2017	31	680	21,9	46	0
2018	32	366	11,4	20	0
2019	27	482	17,9	53	6
2020	16	201	12,6	27	5
2021	28	894	31,9	23	4
2022	15	269	17,9	59	1
2023	22	426	19,4	13	1
2024	17	1.100	64,7*	16	1

* gemiddelde sterk beinvloed door een uitbraak met 717 ziektegevallen

Tabel B1.4 Aantal uitbraken en ziektegevallen, naar omvang, 2020-2024.

Aantal zieken	2020		2021		2022		2023		2024	
	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
2-4	472	84,6	721	85,6	977	83,3	758	83,1	977	82,9
5-9	76	13,6	83	9,9	143	12,2	111	12,2	137	11,6
10-14	3	0,5	14	1,7	27	2,3	23	2,5	36	3,1
15-19	3	0,5	8	1,0	5	0,4	8	0,9	6	0,5
20-24	1	0,2	2	0,2	4	0,3	3	0,3	4	0,3
25-34	0	0	8	1,0	6	0,5	5	0,5	7	0,6
34+	3	0,5	6	0,7	11	0,9	4	0,4	12	1,0
Totaal	**558**	**100**	**842**	**100**	**1.173**	**100**	**912**	**100**	**1.179**	**100**

Tabel B1.5 Aantal uitbraken, naar ziekteverwekker in voedsel-/ omgevingsmonsters en/of patiënten, 2020-2024.

Pathogeen	2020	2021	2022	2023	2024
*B. cereus**	1	0	0	0	0
*S. aureus**	0	0	0	0	1
*C. perfringens**	0	0	0	0	0
Campylobacter spp	8	5	5	7	1
L. monocytogenes	3	2	1	0	1
Salmonella spp	5	11	7	14	9
Shigella spp	1	0	1	0	0
STEC/EHEC	0	1	3	1	1
Yersinia spp	0	1	0	0	0
Hepatitis A-virus	0	2	0	0	3
Norovirus**	3	6	4	7	12
Rotavirus	0	0	0	1	0
Ciguateratoxine	1	0	0	0	0
Twee pathogenen	0	0	3	2	3
Totaal bekend	22	28	24	32	31
% bekend	3,9%	3,3%	2,0%	3,5%	2,6%
Onbekend/niet onderzocht	536	814	1149	880	1.148
Totaal	**558**	**842**	**1.173**	**912**	**1.179**

* B. cereus, S. aureus en C. perfringens zijn alleen meegenomen als er meer dan 100.000 kve/g werd aangetroffen of als enterotoxinen werden aangetoond.
** Sinds 2020 worden er bij verdenking op norovirus niet meer standaard veegdoekmonsters genomen.

Tabel B1.6 Aantal ziektegevallen, naar ziekteverwekker in voedsel-/ omgevingsmonsters en/of patiënten, 2020-2024.

Pathogeen	2020	2021	2022	2023	2024
*B. cereus**	3	0	0	0	0
*S. aureus**	0	0	0	0	2
*C. perfringens**	0	0	0	0	0
Campylobacter spp	26	11	22	34	2
L. monocytogenes	24	9	7	0	4
Salmonella spp	87	205	103	235	192
Shigella spp	4	0	47	0	0
STEC/EHEC	0	12	49	15	5
Yersinia spp	0	6	0	0	0
Hepatitis A-virus	0	24	0	0	41
Norovirus**	85	262	53	178	924
Rotavirus	0	0	0	7	0
Ciguateratoxine	5	0	0	0	0
Twee pathogenen	0	0	65	34	52
Totaal bekend	234	529	346	503	1.222
Onbekend/niet onderzocht	1.671	3.001	4.159	2.999	4.166
Totaal	**1.905**	**3.530**	**4.505**	**3.502**	**5.388**

* B. cereus, S. aureus en C. perfringens zijn alleen meegenomen als er meer dan 100.000 kve/g werd aangetroffen of als enterotoxinen werden aangetoond.
** Sinds 2020 worden er bij verdenking op norovirus niet meer standaard veegdoekmonsters genomen.

Bijlage 2 Attributieresultaten voedselgerelateerde aantal ziektegevallen, sterfgevallen, DALY en CoI, 2020–2024

Tabel B2.1 Attributie van de geschatte gemiddelde aantal ziektegevallen aan voedsel in Nederland voor 2020-2024, totaal en per pathogeen

Pathogeen	**Aantal ziektegevallen/jaar**				
	2020	**2021**	**2022**	**2023**	**2024**
Campylobacter spp.	25.000	27.000	30.000	30.000	29.000
STEC O157	1.100	1.100	1.100	1.100	1.000
Salmonella spp.	8.000	9.400	11.000	19.000	21.000
Listeria monocytogenes	73	72	77	73	88
Bacillus cereus	39.000	40.000	39.000	40.000	40.000
Clostridium perfringens	122.000	122.000	122.000	123.000	123.000
Staphylococcus aureus	224.000	224.000	224.000	224.000	226.000
Norovirus	25.000	44.000	60.000	71.000	89.000
Rotavirus	2.000	4.700	7.500	5.200	4.900
Hepatitis A-virus	46	70	85	140	210
Hepatitis E-virus	660	520	500	660	390
Cryptosporidium spp.	3.200	5.400	8.100	23.000	12.000
Giardia spp.	2.800	4800	7.000	10.000	11.000
Toxoplasma gondii	530	520	530	520	490
Totaal	**454.000**	**483.000**	**511.000**	**548.000**	**559.000**

De gepresenteerde cijfers zijn afgerond: ≥ 100.000 tot drie significante cijfers bijvoorbeeld 123.256 = 123.000), tussen < 100.000 en ≥ 10 tot twee significante cijfers (bijvoorbeeld 1.325 = 1.300),en < 10 tot 1 significant cijfer (bijvoorbeeld 0,0023 = 0,002). De gepresenteerde cijfers zijn schattingen die gebaseerd zijn op jaarlijkse surveillancedata voor: i) dekking (waar van toepassing); ii) onder diagnose en onder rapportage; iii) en onder detectie (bijv. ziek zijn zonder medische hulp nodig te hebben).

Tabel B2.2 Attributie van de geschatte gemiddelde aantal sterftegevallen aan voedsel in Nederland voor 2020-2024, totaal en per pathogeen

Pathogeen	**Aantal sterftegevallen/jaar**				
	2020	**2021**	**2022**	**2023**	**2024**
Campylobacter spp.	19	20	20	20	24
STEC O157	2	2	2	2	2
Salmonella spp.	11	13	9	22	21
Listeria monocytogenes	15	11	11	12	10
Bacillus cereus	0	0	0	0	0
Clostridium perfringens	4	4	4	4	3
Staphylococcus aureus	5	5	5	5	6
Norovirus	3	5	7	9	10
Rotavirus	0	1	1	1	1
Hepatitis A-virus	0	0	0	0	1
Hepatitis E-virus	9	6	6	7	4
Cryptosporidium spp.	0	0	1	1	1
Giardia spp.	0	0	0	0	0
Toxoplasma gondii	8	8	9	8	7
Totaal	**76**	**76**	**75**	**92**	**91**

De gepresenteerde cijfers zijn afgerond: ≥10 op twee significante cijfers (bijvoorbeeld 1.325 = 1.300) en <10 op één significant cijfer (bijvoorbeeld 0,0023 = 0,002). De gepresenteerde cijfers zijn schattingen die gebaseerd zijn op jaarlijkse surveillancedata, gecorrigeerd voor: i) dekking (waar van toepassing); ii) onderdiagnose en onderrapportage; en iii) onderdetectie (dat wil zeggen: ziek zijn zonder medische hulp te zoeken).

Tabel B2.3 Attributie van de geschatte gemiddelde aantal DALYs in Nederland voor 2020-2024, totaal en per pathogeen

Pathogeen	**Gemiddeld aantal DALYs/*jaar***				
	2020	**2021**	**2022**	**2023**	**2024**
Campylobacter spp.	2.100	2.300	2.500	2.500	2.600
STEC O157	150	150	150	150	150
Salmonella spp.	800	900	960	1.800	1.900
L. monocytogenes	180	510	330	330	400
Bacillus cereus	33	33	32	34	33
Clostridium perfringens	200	200	200	200	200
Staphylococcus aureus	220	220	220	220	220
Norovirus	800	1.400	2.000	2.400	3.000
Rotavirus	390	920	1.500	1.000	950
Hepatitis A-virus	28	42	50	82	130
Hepatitis E-virus	390	310	300	390	230
Cryptosporidium spp.	30	56	84	230	130
Giardia spp.	60	100	150	220	220
Toxoplasma gondii	1.900	1.900	2.000	1.900	1.800
Total	**7.300**	**9.100**	**10.000**	**11.000**	**12.000**

Tabel B2.4 Attributie van de geschatte gemiddelde aantal DALYs aan voedsel in Nederland voor 2020-2024, totaal en per pathogeen.

Pathogen	**DALY/jaar**				
	2020	**2021**	**2022**	**2023**	**2024**
Campylobacter spp.	1.100	1.200	1.300	1.300	1.400
STEC O157	73	73	73	73	74
Salmonella spp.	380	420	450	850	910
Listeria monocytogenes	140	390	250	250	310
Bacillus cereus	24	24	23	25	24
Clostridium perfringens	140	140	140	140	140
Staphylococcus aureus	170	170	170	170	170
Norovirus	77	140	190	230	280
Rotavirus	11	25	41	27	26
Hepatitis A-virus	5	8	9	15	24
Hepatitis E-virus	260	210	200	260	150
Cryptosporidium spp.	5	9	14	39	21
Giardia spp.	8	13	19	28	28
Toxoplasma gondii	1.300	1.300	1.300	1.300	1.200
Total	**3.700**	**4.100**	**4.200**	**4.700**	**4.700**

De gepresenteerde cijfers zijn afgerond:≥ 100.000 tot drie significante cijfers (bijvoorbeeld 123.256 = 123.000); tussen <100.000 en ≥10 tot twee significante cijfers (bijvoorbeeld 1.325 = 1.300); en <10 tot één significant cijfer (bijvoorbeeld 0,0023 = 0,002). De gepresenteerde cijfers zijn schattingen die gebaseerd zijn op jaarlijkse surveillancedata voor: i) dekking (waar van toepassing); ii) onder diagnose en onder rapportage; iii) en onder detectie (bijv. ziek zijn zonder medische hulp nodig te hebben).

Tabel B2.5 Attributie van de geschatte gemiddelde aantal COI aan voedsel in Nederland voor 2020-2024, totaal en per pathogeen.

Pathogeen	**COI/jaar (Million €, uitgedrukt in 2024 euros)**				
	2020	**2021**	**2022**	**2023**	**2024**
Campylobacter spp.	27	28	33	32	31
STEC O157	3	3	3	3	3
Salmonella spp.	8	9	10	16	15
Listeria monocytogenes	3	5	4	3	4
Bacillus cereus	10	10	10	10	10
Clostridium perfringens	25	26	26	26	26
Staphylococcus aureus	59	59	60	59	59
Norovirus	6	10	13	16	19
Rotavirus	1	2	3	2	2
Hepatitis A-virus	0	0	0	0	0
Hepatitis E-virus	4	3	3	3	2
Cryptosporidium spp.	1	2	3	7	4
Giardia spp.	1	1	2	3	3
Toxoplasma gondii	13	13	13	13	11
Totaal	**160**	**171**	**182**	**193**	**192**

Dit is een uitgave van:

Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu
Postbus 1 | 3720 BA Bilthoven
www.rivm.nl

september 2025

De zorg voor morgen begint vandaag