



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

# Voedselgerelateerde en overige enterale infecties in Nederland

Jaarrapportage 2025



**Voedselgerelateerde en overige enterale  
infecties in Nederland**  
Jaarrapportage 2025

RIVM-rapport 2026-0096

## Colofon

© RIVM 2026

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-2026-0096

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

Contact:  
Eelco Franz  
Centrum Infectieziektebestrijding  
[eelco.franz@rivm.nl](mailto: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](http://www.rivm.nl)

## Publiekssamenvatting

### **Voedselgerelateerde en overige enterale infecties in Nederland**

Jaarrapportage 2025

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

Net als in 2023 en 2024 werden mensen in 2025 vaker ziek door *Salmonella* Enteritidis dan in de jaren 2015-2019. Deze bacterie kwam ook vaker voor bij leghennen in Nederland. De maatregelen om dit te verlagen hebben dus nog niet het gewenste effect. Daarnaast zijn meer mensen ziek geworden van Shiga toxine-producerende *E. coli* (STEC) bacterie, hepatitis A-virus en het norovirus. Hiervoor is geen duidelijke oorzaak bekend.

In totaal kregen in Nederland in 2025 naar schatting bijna 2 miljoen mensen een infectie door een voedselgerelateerde ziekteverwekker. De ziektelast wordt met een internationale maat aangegeven: DALY's (Disability Adjusted Life Years). De totale ziektelast van 14 voedselgerelateerde ziekteverwekkers in 2025 werd geschat op 12.000 DALY. Dit is net zo hoog als in 2024. Het deel van de ziektelast dat via voeding is veroorzaakt, is in 2025 geschat op 4.700 DALY. Dat is ook vergelijkbaar met 2024.

De totale ziektekosten van deze 14 voedselgerelateerde ziekteverwekkers, via alle routes, zijn geschat op 581 miljoen euro in 2025. Dit is bijna net zoveel als in 2024 (586 miljoen euro; 0,9 procent minder). De geschatte kosten die van infecties door besmet voedsel waren in 2025 ook bijna even hoog als in 2024: 202 miljoen euro versus 199 miljoen euro (0,5 procent meer).

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

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



## Synopsis

### **Foodborne and other enteral infections in the Netherlands**

#### Annual Report 2025

People can get sick from eating food that contains various bacteria, viruses or parasites. These pathogens can also make people sick in other ways. They can for example be transmitted from person to person, often through contact with faeces, or via animals. This generally results in gastrointestinal symptoms such as vomiting, abdominal pain or (possibly bloody) diarrhoea. Occasionally, consequences can be more severe, such as hepatitis, sepsis or meningitis.

As in 2023 and 2024, more people became sick due to *Salmonella* Enteritidis in 2025 than in 2015-2019. The presence of this type of bacteria in laying hens in the Netherlands increased as well. That means control measures have not yet had the desired effect. Additionally, more people were sick due to Shiga toxin-producing *E. coli* (STEC) bacteria, hepatitis A virus and norovirus. This has no clear cause.

Altogether, it is estimated that almost 2 million people in the Netherlands were infected by food-related pathogens in 2025. The burden of disease is expressed using an international unit of measurement: DALY, or disability-adjusted life years. The total estimated burden of disease for 14 food-related pathogens in 2025 is 12,000 DALY. This is the same as in 2024. The proportion of this burden attributable to foodborne transmission is estimated to be 4,700 DALY in 2025. This is also comparable to 2024.

The total health costs for these 14 food-related pathogens, by all routes, are estimated to be €581 million in 2025. This is about the same as in 2024 (€586 million, 0.9% less). The estimated costs of infections due to contaminated food in 2025 were €202 million. This is also comparable to 2024 (€199 million, 0.5% more).

Every year, the National Institute for Public Health and the Environment (RIVM) records occurrences of food-related and enteral infections in the Netherlands and tracks outbreaks and the burden of disease, including costs. RIVM does so in collaboration with partners such as the Netherlands Food and Consumer Product Safety Authority (NVWA) and Wageningen Food Safety Research (WFSR).

Keywords: foodborne infections, gastro-enteritis, gastrointestinal infections, zoonosis, 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 — 16
- 2.2 Laboratoriumsurveillance — 17
- 2.2.1 Virologische weekstaten — 17
- 2.2.2 ISIS-AR — 17
- 2.3 Kiemsurveillance — 18
- 2.4 Monitoring dieren en voedselketen — 18
- 2.5 Whole Genome Sequencing: uitbraken en data-sharing — 18
- 2.6 Ziekenhuisopnames (CBS/DHD) — 19
- 2.7 Ziekte­last — 20

### **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 Tabellen en figuren — 28

#### **4 Salmonellose — 31**

- 4.1 Hoofdpunten — 31
- 4.2 Achtergrond — 31
- 4.3 Epidemiologische situatie — 31
- 4.4 Clustering — 32
- 4.5 Tabellen en grafieken — 33

#### **5 Shigellose — 37**

- 5.1 Hoofdpunten — 37
- 5.2 Achtergrond — 37
- 5.3 Epidemiologische situatie — 37
- 5.4 Clustering — 38
- 5.5 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 Tabellen en figuren — 45

#### **7 Listeriose — 49**

- 7.1 Hoofdpunten — 49
- 7.2 Achtergrond — 49

- 7.3 Epidemiologische situatie — 49
- 7.4 Clustering — 51
- 7.5 Tabellen en figuren — 52

## **8 Hepatitis A — 55**

- 8.1 Hoofdpunten — 55
- 8.2 Achtergrond — 55
- 8.3 Epidemiologische situatie — 55
- 8.4 Clustering — 56
- 8.5 Tabellen en figuren — 58

## **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
- 9.2 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 — 63
  - 9.3.1 Hoofdpunten — 63
  - 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 — 65
  - 9.4.3 Epidemiologische situatie — 66
- 9.5 Yersiniose — 66
  - 9.5.1 Hoofdpunten — 66
  - 9.5.2 Achtergrond — 66
  - 9.5.3 Epidemiologische situatie — 66
  - 9.5.4 Tabellen en figuren — 67

## **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 Tabellen en figuren — 71
- 10.2 Cholera — 73
  - 10.2.1 Hoofdpunten — 73
  - 10.2.2 Achtergrond — 74
  - 10.2.3 Epidemiologische situatie — 74
  - 10.2.4 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 Voedsel- en omgevingsonderzoek NVWA – 84
  - 12.3.3 Ziekteverwekkers – 85
  - 12.3.4 Setting – 87
- 12.4 Tabellen en figuren – 87

## **Resultaten Sectie 3 – 91**

### **13 Ziektebelasting – 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 Tabellen en figuren – 96

### **14 Discussie en conclusies – 105**

#### **Dankbetuiging – 109**

#### **Literatuur – 111**

#### **Afkortingenlijst – 115**

#### **Bijlage 1 Overzichtstabellen voedselgerelateerde uitbraken – 117**

#### **Bijlage 2 Attributieresultaten voedselgerelateerde aantal ziektegevallen, sterfgevallen, DALY en CoI, 2021–2025 – 120**



## Samenvatting

Dit rapport geeft een overzicht van de epidemiologische situatie van voedselgerelateerde en overige enterale infecties in Nederland gedurende 2025. 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 2025 is geschat op 1.875.000 zieken, met een ziektelast van 12.000 DALY en een kostenpost van 581 miljoen euro. Dit is vergelijkbaar met 2024 (1.891.000 zieken, 12.000 DALYs, 586 miljoen euro). Van deze totale ziektelast is ongeveer 39 procent toe te schrijven aan voedsel als transmissieroute, wat gelijk is aan 2024. Andere transmissieroutes betreffen mens-op-mens (28%), reizen (12%), milieu (12%) en diercontact (5%).

Het aantal uitbraken en bijbehorend aantal zieken ligt vanaf 2022 structureel aanzienlijk hoger dan vóór de COVID-19-pandemie. Op pathogeenniveau zijn het aantal *Salmonella* Enteritidis-ziektegevallen sinds 2023 het meest zorgelijk. De ingezette maatregelen zoals verhoogde testfrequentie en aandacht voor bedrijfshygiëne hadden in 2025 nog niet het gewenste effect. In de eerste helft van 2026 is een stagnatie zichtbaar. Het is afwachten of de incidentie gaat dalen naar het niveau van 2017-2019. Naast *Salmonella*, ligt de incidentie van STEC-infecties, hepatitis A en norovirus-infecties aanhoudend hoger dan voor de COVID-19-pandemie. Op de volgende pagina worden de pathogenen waarvoor doorlopende surveillance plaatsvindt weergegeven in een 'thermometer', gerangschikt naar urgentie van actie op basis van de incidentie van ziektegevallen en uitbraken.

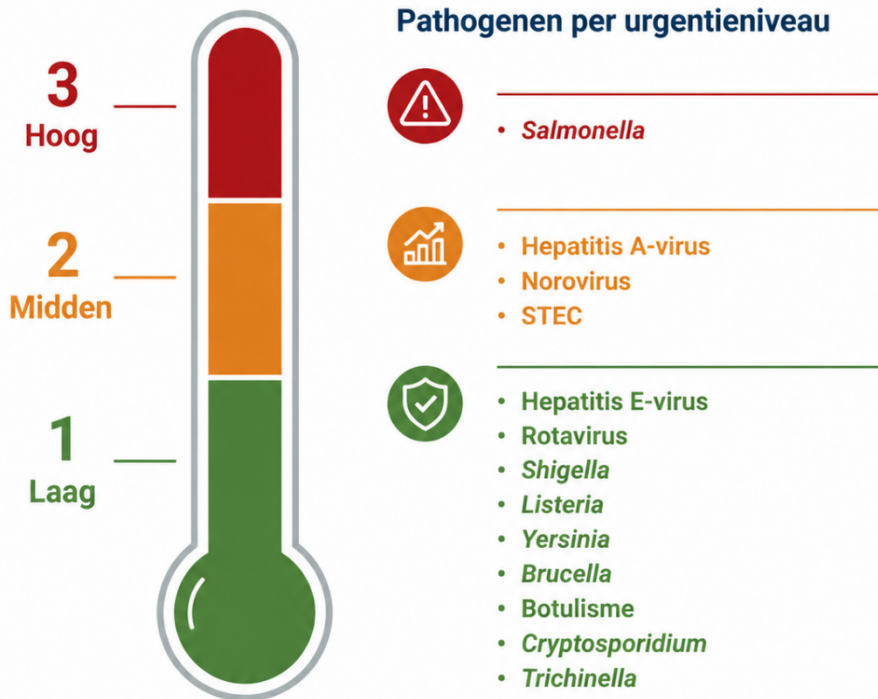
Figuur S.1 Urgentieniveaus van enterale infecties

## Urgentieniveaus van enterale infecties

Indeling op basis van trend in incidentie/uitbraken (1 = stabiel/laag, 2 = toegenomen/midden [vereist onderzoek naar onderliggende oorzaken], 3 = sterk toegenomen/hoog [vereist interventie]).



Alleen pathogenen waar een doorlopende surveillance voor wordt uitgevoerd zijn opgenomen.



## 1 Inleiding

Voedselgerelateerde infectieziekten is een overkoepelende term voor een verscheidenheid aan bacteriële, parasitaire en virale enterale ziekteverwekkers die via voedsel overgedragen *kunnen* worden. Levensmiddelen kunnen daarbij 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 [1]. Globalisering van de voedselindustrie van zowel grondstoffen als levensmiddelen, en de toegenomen consumptie van 'exotische' producten leiden ertoe dat voedselproducten ook worden geïmporteerd uit landen met een lagere hygiënestandaard [2].

Voedselgerelateerde infectieziekten leiden wereldwijd tot een aanzienlijke ziektelast. Daarmee vormen ze een bedreiging voor de volksgezondheid [2-6]. Het reservoir voor een deel van de voedselgerelateerde ziekteverwekkers zijn (landbouw)huisdieren en wilde dieren. 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 de verschillende transmissieroutes voor de ziektelast verschilt per ziekteverwekker.

Voedselgerelateerde infectieziekten zijn ruwweg in te delen in voedselinfectie en -vergiftiging. Bij een infectie worden de ziekteverschijnselen veroorzaakt door de aanwezigheid van de ziekteverwekker. Deze kent meestal een incubatieperiode van minimaal een dag. Bij een vergiftiging veroorzaken (bacteriële) toxinen (gifstoffen) de ziekteverschijnselen en treden de verschijnselen binnen enkele uren op. Meestal leiden voedselgerelateerde infectieziekten tot maag-darmklachten, zoals overgeven, buikpijn, en/of (bloederige) diarree. In sommige gevallen leiden deze infecties tot ernstige symptomen, zoals hepatitis, bloedvergiftiging of hersenvliesontsteking.

Enterale infecties omvatten zowel acute als chronische ziektebeelden, met variërende duur, ernst en sterfte. Een risicogebaseerd voedselveiligheidsbeleid vereist een consistente en kwantitatieve beoordeling van de volksgezondheidsimpact van deze pathogenen, en de geassocieerde transmissieroutes. Om die redenen wordt de volksgezondheidsimpact van deze voedselgerelateerde pathogenen uitgedrukt in zowel ziektelast als in ziektekosten. Daarnaast wordt de geschatte ziektelast toegewezen aan mogelijke bronnen van infectie (attributie). Sinds 2008 publiceert het RIVM deze ziektelastschattingen regelmatig (zie bijvoorbeeld [7]).

Surveillance van individuele pathogenen levert waardevolle informatie over incidentie, trends en transmissieroutes. Het vormt ook een belangrijke basis voor het detecteren van uitbraken waarop vervolgens,

waar nodig, maatregelen genomen kunnen worden om de schadelijke gevolgen voor de volksgezondheid te beperken. De toegevoegde waarde van surveillance van voedselgerelateerde uitbraken en individueel uitbraakonderzoek tijdens een uitbraak in onder andere het inzicht krijgen in de oorzaken van ziekte, het identificeren van mogelijk betrokken voedselproducten en de mogelijke setting van de besmetting [8-10]. 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. Zo verschilt het onderzoek naar de besmette voedselbron gegeten door patiënten in hetzelfde restaurant van het onderzoek naar de bron voor patiënten die geïnfecteerd zijn met een genetische gelijkende ziekteverwekker, maar verder ongerelateerd zijn aan elkaar [11, 12]. 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 [13, 14].

Deze jaarrapportage over 2025 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>). de 'Staat van Zoönosen' neemt wel de gecombineerde surveillance humaan-voedsel op basis van whole genome sequencing (WGS) mee.

## 2 Databronnen en methoden

Deze jaarrapportage over 2025 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 en 2.2 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 en 2.2 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.

Wijzigingen in de meldplicht, met name in de meldcriteria kunnen leiden tot een trendbreuk in de incidentie-cijfers. In de afgelopen tien jaar (2016-2025) betreft dit de volgende aanpassingen:

- 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 [15]. Deze wijzigingen leiden ertoe dat

- de infecties met langdurige, vaak milde symptomen en (mogelijke) toevallsbevindingen niet langer meldingsplichtig zijn.
- Eind maart 2024 zijn de meldcriteria voor hepatitis A uitgebreid waardoor ook asymptomatische gevallen gemeld kunnen worden.

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 [16, 17].

## 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, geven de records in ISIS-AR een goed beeld van de incidentie in Nederland. Hoewel de dekkingsgraad hoog is, is er geen exacte dekkingsgraad bekend. Het aantal laboratoria dat deelneemt aan ISIS-AR neemt elk jaar toe. Hierdoor kunnen de aantallen afwijken van eerdere rapporten. In 2025 hadden nog niet alle laboratoria aan ISIS-AR gemeld, dus zijn de gepresenteerde aantallen voor 2025 nog een onderschatting. Binnen dit rapport wordt ISIS-AR gebruikt voor het verkrijgen van inzicht in de trend van campylobacteriose en yersiniose.





### 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. Medisch microbiologische laboratoria kunnen isolaten ter typering insturen naar het RIVM (*Campylobacter*, *Salmonella*, *Shigella*, STEC en *Yersinia*; *Listeria* gaat centraal via het Nationaal Referentielaboratorium voor Bacteriële Meningitis bij het Amsterdam UMC). De kiemsurveillance *Campylobacter* betreft een sentinel-surveillance met zeven laboratoria die insturen, waarbij vervolgens een representatieve selectie op basis van seizoenspreiding, inzender en species gemaakt wordt van de isolaten die gesequenced worden. In 2024 is daarnaast 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. Ook positieve serum- en/of fecesmonsters van hepatitis A-virus, hepatitis E-virus en norovirus kunnen ingestuurd worden voor verdere typering. Tot slot voert het RIVM kiemsurveillance van *Cryptosporidium*-infecties in Nederland uit in samenwerking met drie over Nederland verspreide medische microbiologische laboratoria: Saltro, Certe en Dicoon. Zij sturen positieve monsters voor verdere typering naar het RIVM, te weten vaststelling van het *Cryptosporidium* species en op een deel aanvullende genotypering door het karakteriseren van het hypervariabele 60kDa glycoproteïne gen (gp60).

### 2.4 Monitoring dieren en voedselketen

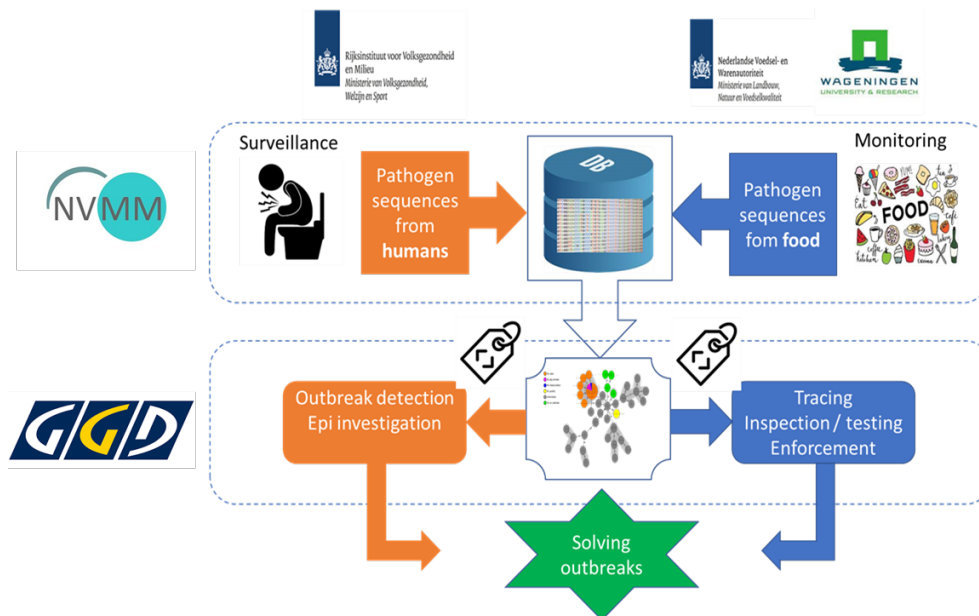
Naast surveillance bij de mens vindt ook monitoring plaats van dieren en dierlijke producten binnen verschillende programma's en projecten van met name de Nederlandse Voedsel en Waren Autoriteit (NVWA) en Wageningen Food Safety Research (WFSR), soms in samenwerking met het RIVM. De NVWA houdt toezicht op de gehele voedselproductieketen, voor zowel de primaire productiefase als alle stadia van productie, verwerking en distributie van levensmiddelen. De NVWA voert als bevoegde autoriteit officiële controles uit om te verifiëren dat levensmiddelenbedrijven de relevante Europese en nationale wetgeving naleven en om te verifiëren of dieren en goederen aan de wetgeving voldoen. Hierbij kunnen ook monsters worden genomen. 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; Tabel 2.3). 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 Authority (EFSA), RIVM-zusterinstituten, en Europese Referentie Laboratoria in het buitenland.

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



## 2.6 Ziekenhuisopnames (CBS/DHD)

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 diagnoses (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 Ziektebelasting

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

De methode die wordt gebruikt om de ziektebelasting (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 [18]. Voor de berekeningen van de BoD en CoI worden verschillende gegevens gebruikt, met name trendgegevens over ziekte-incidentie, nieuwe inzichten uit recent gepubliceerde studies, demografische ontwikkelingen en de consumentenprijsindex (als maat voor prijsveranderingen van goederen en diensten). De attributieschattingen in dit rapport zijn geactualiseerd voor de periode na de COVID-19-pandemie en zijn gebaseerd op een nieuwe expert elicitation-studie [19]. Ze zijn voor het eerst toegepast in deze vorm in het rapport over 2024. Dit verklaart eventuele afwijkingen ten opzichte van de schattingen in eerdere ziektebelastingrapporten.

Informatie over de omvang en leeftijdsverdeling van de Nederlandse bevolking (Tabel 2.4), evenals over sterfterisico's, het aantal levendgeborenen (Tabel 2.5) 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:

1. uit de surveillance zoals vermeld in Tabel 2.1 en 2.2:
  - **Campylobacter spp:** incidentie is gebaseerd op de aantallen *Campylobacter* patiënten zoals gerapporteerd in ISIS-AR. Er wordt niet gecorrigeerd voor dekkingsgraad omdat 1) steeds meer laboratoria gaan melden in ISIS-AR en het daarmee completer wordt en 2) de exacte dekkingsgraad onbekend is. Doordat het aantal laboratoria dat meldt aan ISIS-AR elk jaar toeneemt, wijken de aantallen van het huidige jaar af van eerdere rapporten. In 2025 hadden nog niet alle laboratoria aan ISIS-AR gemeld, dus zijn de gepresenteerde aantallen voor 2025 nog een onderschatting.
  - **Niet-tyfoïde *Salmonella spp*:** in eerdere jaren werd het aantal *Salmonella spp.* gevallen geschat op basis van het aantal ingezonden isolaten van een subset van laboratoria, de zogenaamde streeklaboratoria, waarvoor de dekkingsgraad was bepaald. De geschatte dekkingsgraad was echter verouderd en waarschijnlijk niet meer representatief voor de huidige situatie. Daarom is dit jaar besloten om het aantal *Salmonella spp.* gevallen te baseren op basis van het aantal ingezonden isolaten door alle laboratoria, dus niet enkel de streeklaboratoria, en niet meer te corrigeren voor dekkingsgraad.




- **Shiga-toxine producerende *Escherichia coli* O157 (STEC O157)**
  - **Perinatale en invasieve listeriose**
  - **Rotavirus**
  - **Hepatitis A-virus**
  - **Hepatitis E-virus**
2. worden berekend op basis van:
- **Norovirus**: geschatte ziekenhuisopnames geassocieerd met norovirus, gebaseerd op RIVM-laboratoriumsurveillance.
  - ***Cryptosporidium spp* en *Giardia lamblia***: de incidenties werden retrospectief bepaald door een landelijk representatieve survey (artikel submitted), waarbij resultaten van 24 laboratoria uit de periode 2015–2024 werden geanalyseerd. De incidenties in 2025 zijn gebaseerd op geschatte trendgegevens op basis van de drie daaraan voorafgaande jaren (2022-2024).
3. zijn er geen trendgegevens beschikbaar vanwege het ontbreken van recente nationale surveillancegegevens:
- ***Bacillus cereus*, *Clostridium perfringens* en *Staphylococcus aureus*** (toxineproducerende bacteriën)
  - ***Toxoplasma gondii***: trends in gerapporteerde sterfgevallen zijn wel meegenomen.

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-elicitering). Deze elicitering is uitgevoerd in 2023 [19] en vormt een update van de eerdere studie van Havelaar et al. uit 2008 [20]. 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, naar type surveillancesysteem – bacteriën

	Ziekte	Meldplicht 	Laboratorium-surveillance <sup>1</sup> 	Kiem-Surveilliance 	Monitoring voedselketen	Ziektelast
<b>Bacteriën - infectieus</b>						
<i>Brucella</i> spp.	Brucellose	X				
<i>Campylobacter</i> spp.	Campylobacteriose		X <sup>1</sup>	X	X	X
<i>Listeria monocytogenes</i>	Listeriose	X		X	X	X
<i>Salmonella</i> paratyphi	Paratyfus A, B, C	X		X		
<i>Salmonella</i> typhi	Buiktyfus	X		X		
<i>Salmonella</i> (overig)	Salmonellose			X	X	X
<i>Shigella</i> spp.	Shigellose	X		X		
STEC <sup>2</sup>	STEC-infectie	X		X	X	O157
<i>Vibrio cholerae</i>	Cholera	X				
<i>Yersinia</i> spp.	Yersiniose		X <sup>1</sup>	X		
<b>Bacteriën - toxineproducerend</b>						
<i>Bacillus cereus</i>						X
<i>Clostridium botulinum</i>	Botulisme	X				
<i>Clostridium perfringens</i>						X
<i>Staphylococcus aureus</i>						X

<sup>1</sup> Via ISIS-AR.

<sup>2</sup> Shiga toxine-producerende *Escherichia coli*.

Tabel 2.2 Vervolg overzicht van de enterale, voedsel-gerelateerde infecties die in dit rapport worden beschreven, naar type surveillancesysteem – virussen en parasieten

	Ziekte	Meldplicht 	Laboratorium-surveillance <sup>3</sup> 	Kiem-Surveilliance 	Monitoring voedselketen	Ziektelast
<b>Virussen</b>						
Hepatitis A-virus	Hepatitis A	X	X <sup>3</sup>	X <sup>4</sup>	X	X
Hepatitis E-virus	Hepatitis E		X <sup>3</sup>	X <sup>4</sup>	X	X
Norovirus	Norovirus		X <sup>3</sup>	X <sup>4</sup>	X	X
Rotavirus	Rotavirus		X <sup>3</sup>			X
<b>Parasieten</b>						
<i>Cryptosporidium</i> spp.	Cryptosporidiose			X		X
<i>Giardia</i> spp.	Giardiasis					X
<i>Toxoplasma gondii</i>	Toxoplasmose					X
<i>Trichinella</i> spp.	Trichinellose	X				

<sup>3</sup> Virologische weekstaten (<https://www.rivm.nl/virologische-weekstaten>; [21]).

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

Tabel 2.3 Overzicht gebruik WGS per bacterie

Bacterie	WGS sinds	WGS schema's	Cluster-definitie*
<i>Campylobacter</i>	5-2021	cgMLST (637 genen) cgMLST-PubMLST (1.343 genen)	5 AD
<i>S. Enteritidis</i>	2019	cgMLST (3.002 genen)	5 AD
<i>S. Typhimurium</i>	2020	cgMLST (3.002 genen)	5 AD
<i>Salmonella</i> overig	2021	cgMLST (3.002 genen)	7 AD
<i>Shigella</i>	4-2022	<i>E. coli</i> cgMLST (2.513 genen)	5 AD
STEC	2017	STEC-cgMLST (3.154 genen)	7 AD
<i>Listeria</i>	2017**	Ruppitsch-cgMLST (1.703 genen)	7 AD
<i>Yersinia</i>	4-2022	cgMLST (1.553 genen)	7 AD

\*AD = allelen difference – het maximale verschil in aantal allelen tussen isolaten om tot één cluster gerekend te worden

\*\*2012-2016 retrospectief uitgevoerd

Tabel 2.4 Bevolking naar leeftijdsgroep, Nederland, 2021–2025

Leeftijd groep	2021	2022	2023	2024	2025
0	168.270	179.133	167.629	164.473	165.977
1-4	689.356	685.520	700.526	699.389	692.448
5-11	1.281.948	1.288.551	1.273.615	1.267.444	1.262.954
12-17	1.171.648	1.184.960	1.171.332	1.172.039	1.171.826
18-64	10.706.658	10.764.428	10.680.182	10.962.369	10.995.143
65+	3.457.535	3.313.251	3.601.167	3.677.228	3.755.679
<b>Totaal</b>	<b>17.475.415</b>	<b>17.415.843</b>	<b>17.594.451</b>	<b>17.942.942</b>	<b>18.044.027</b>

Tabel 2.5 Levendgeborenen naar leeftijd van de moeder, Nederland, 2021–2025

Leeftijd moeder	2021	2022	2023	2024	2025*
≤19	715	771	727	746	723
20-24	9.899	10.021	9.629	9.583	9.306
25-29	45.289	41.719	39.971	39.378	38.015
30-34	75.904	70.129	68.955	69.569	68.991
35-39	39.153	36.725	37.102	38.563	39.301
40-44	8007	7.684	7.600	7.793	7.801
45+	474	455	503	511	546
<b>Totaal</b>	<b>179.441</b>	<b>167.504</b>	<b>164.487</b>	<b>166.143</b>	<b>164.684</b>

\*Schattingen op basis van waargenomen trendgegevens uit 2022-2024.

## Resultaten Sectie 1



## 3 Campylobacteriose



### 3.1 Hoofdpunten

- In 2025 werden in totaal 4.856 campylobacteriose-patiënten geregistreerd in ISIS-AR. Dat is lager dan 2024 (n=5.472), 2023 (n=5.199) en de jaren 2017-2019 vóór de COVID-19-pandemie (gemiddeld 5.028). Echter, de data over 2025 in ISIS-AR is nog niet compleet.
- In 2025 bleek dat 45 procent van de *Campylobacter*-isolaten clusterden. Er werden 47 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-immuun reactie tegen perifere zenuwen). *Campylobacter*-infecties zijn het meest geassocieerd met pluimvee (48%), honden/katten (18%), rundvee (12%) en oppervlaktewater (9%) [22]. 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

Sinds 2012 daalde het aantal humane infecties met *Campylobacter* gestaag in Nederland. 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 [23]. In 2017 werd het laagste aantal laboratorium bevestigde gevallen van campylobacteriose (4.812) gevonden sinds het begin van de registratie in 1993. Het aantal steeg echter in 2018 (5.096) en 2019 (5.177).

In 2025 waren er 4.856 campylobacteriose gevallen gemeld in ISIS-AR. Dat is lager dan in 2024 (n=5.472) en 2023 (n=5.199), maar lager dan in 2017-2019 vóór de COVID-19-pandemie (gemiddeld 5.028, spreiding: 4.812 – 5.177) (Figuur 3.1). In 2025 hebben echter nog niet alle laboriadata aan ISIS-AR geleverd, waardoor het aantal waarschijnlijk nog verder zal oplopen. Van de gevallen in 2025 waren er 2608 man (54%) en 2245 vrouw (46%). Bij drie gevallen was het geslacht onbekend. Het aantal infecties was het hoogst onder 20-29 jarigen en 55-74 jarigen (Figuur 3.2) In 87 procent van de gevallen betrof het *Campylobacter jejuni*, 11 procent *Campylobacter coli* en 2 procent andere *Campylobacter*-species. Deze species-verdeling is

vergelijkbaar met voorgaande jaren. In 2025 werden er geen *Campylobacter*-uitbraken gemeld door GGD'en ten opzichte van 6-13 uitbraken over de periode 2014-2024.

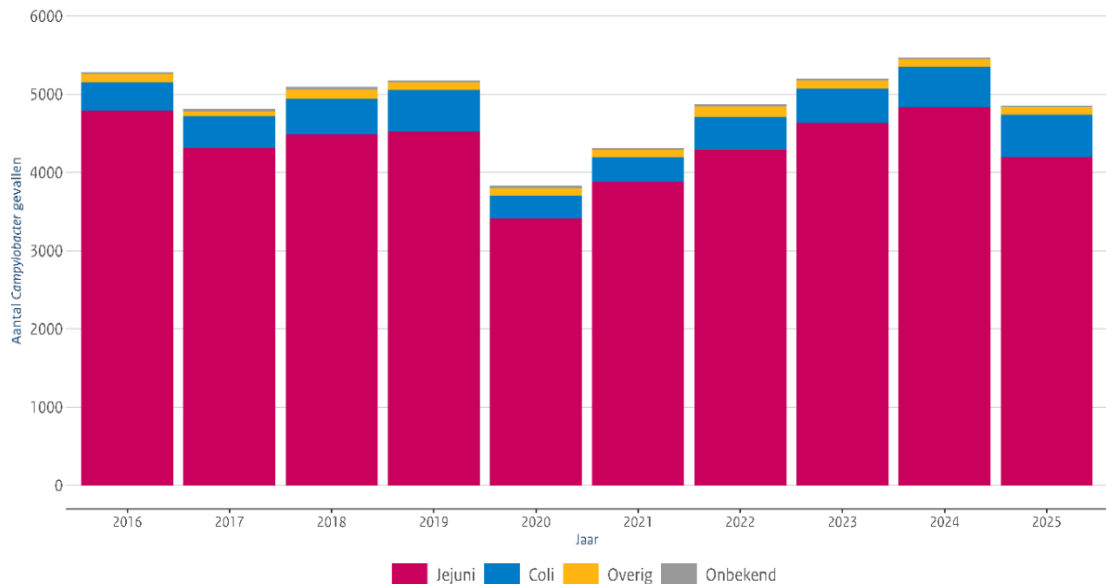
### 3.4 Clustering

Van de totaal 2.192 isolaten sinds 1 mei 2021 werd 89 procent geïdentificeerd als *C. jejuni* en 11 procent als *C. coli*. De mediane leeftijd was 40 jaar (IQR 24-61), waarbij 52 procent man was. Een totaal van 1028 (47%) isolaten clusterden met minstens één ander humaan isolaat. In totaal zijn 237 clusters geïdentificeerd, met een mediane grootte van twee isolaten (variërend van twee tot 51 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 2025 blijkt dat 45 procent van de *Campylobacter* isolaten clustert met minimaal één ander humaan isolaat sinds 1 mei 2021. Dit was 39 procent in 2024. De humane isolaten in 2025 vormden 47 clusters met een mediane grootte van twee isolaten (variërend van 2-21 isolaten).

### 3.5 Tabellen en figuren

Figuur 3.1 Aantallen humane gevallen van infecties met *Campylobacter* spp. op basis van ISIS-AR naar species, 2016-2025



Figuur 3.2 Percentage van het totaal aantal *Campylobacter* gevallen per leeftijdsgroep in 2025 voor de twee meest voorkomende species







## 4 Salmonellose

### 4.1 Hoofdpunten

- In 2025 werden *Salmonella*-isolaten van in totaal 1.736 salmonellose-patiënten ingestuurd. Dit is hoger dan aan het aantal in 2023 en 2024, toen het aantal patiënten ook al hoger was dan vóór de COVID-19-pandemie.
- Sinds halverwege 2023 is het aantal *S. Enteritidis* patiënten sterk verhoogd ten opzichte van 2015-2019. In 2025 (n= 694) was het zelfs het hoogste aantal sinds 2004. Het aantal patiënten met *S. Typhimurium* was in 2025 vergelijkbaar met voorgaande jaren (m.u.v. de pandemie) , maar het aantal patiënten met monofasische *S. Typhimurium* was opvallend laag.
- 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), dat het voornaamste reservoir voor *S. Enteritidis* is.
- Naast de algemene verheffing is er bij drie specifieke clusters uitbraakonderzoek gedaan (2x *S. Enteritidis*, 1x *S. Typhimurium*). Alle drie de clusters kwamen vanzelf ten einde, voordat de bron definitief kon worden vastgesteld.

### 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*. Hieronder zijn weer ruim 2500 serovars te onderscheiden. Veel dieren, inclusief landbouwhuisdieren, vormen een reservoir voor humaan relevante *Salmonella* serovars. De serovars die de hoogste ziektelast geven in de Nederlandse populatie zijn *S. Enteritidis* en (monofasische) *S. Typhimurium*, welke respectievelijk leghennen en varkens als voornaamste reservoir hebben [24]. Mensen kunnen geïnfecteerd worden door direct of indirect contact met besmette dieren of dierlijke feces (fecaal-oraal), door consumptie van besmette dierlijke producten (bijvoorbeeld vlees of eieren), en via milieurotes, 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.

### 4.3 Epidemiologische situatie

In 2025 werden in totaal van 1.736 humane patiënten *Salmonella*-isolaten ingestuurd (Tabel 4.1). Dit is hoger dan in 2024 (n=1.675) en 2023 (n=1.517) en in de pre-COVID jaren 2016-2019 (gemiddeld 1.311 patiënten, spreiding: 1.225-1.540). Het aantal *Salmonella*-infecties was in 2025 het hoogst onder de peuters (1-4 jaar) en personen van 15-35 jaar (Figuur 4.1). Het percentage reis-gerelateerde salmonellose was

met 19% vergelijkbaar met 2024 en 2023 (respectievelijk 20% en 19%).

Net als in voorgaande jaren zijn *S. Enteritidis*, Typhimurium en (monofasische) *S. Typhimurium* in 2025 de meest voorkomende veroorzakers van humane salmonellose (Figuur 4.1 en 4.2). Net als in 2023 (n=585), toen het aantal patiënten sinds juni sterk verhoogd was, en 2024 (n=641), was het aantal *S. Enteritidis*-patiënten in 2025 (n=694) sterk verhoogd ten opzichte van 2016-2019 (gemiddeld: 374; spreiding: 311-424) en zelfs het hoogste aantal dat in de afgelopen 20 jaar werd gezien. De toenemende trend voor *S. Enteritidis* was al zichtbaar in 2019 maar werd onderbroken door de COVID-19-pandemie. Deze algemene verheffing is grotendeels gerelateerd aan een toename van de *S. Enteritidis* prevalentie onder Nederlandse leghennen en de consumptie van besmette eieren hiervan (ref. 2). Het aantal patiënten met *S. Typhimurium* was in 2025 (n=187) net als in 2024 (n=199) hoger dan in 2023 (n=134), toen het aantal sterk was gedaald ten opzichte van vóór de COVID-19-pandemie in 2016-2019 (gemiddeld 210; spreiding: 149-263). Het aantal patiënten met monofasische *S. Typhimurium* was in 2025 opvallend laag (n=91) ten opzichte van 2024 (n=144) en 2023 (n=130), toen het aantal ook al lager was in 2016-2019 (gemiddeld: 199; spreiding: 157-245).

#### 4.4 Clustering

Van de humane *S. Enteritidis*-isolaten in 2025 clusterde 79 procent (n=574) met tenminste één ander humaan isolaat, wat betekent dat ze op basis van whole genome sequencing (WGS) typering vijf allelen of minder verschillen. Dit kunnen ook isolaten van eerdere jaren zijn. Ze behoorden tot in totaal 96 clusters van humane isolaten met een gemiddelde clustergrootte van 20 patiënten (mediane grootte: 4.5; maximale grootte: 270) (Figuur 4.4). WGS data laat zien dat de toename van *S. Enteritidis* patiënten in 2025, net als in 2024, voornamelijk werd veroorzaakt door vele kleine clusters, wat brononderzoek bemoeilijkt [25]. Dit in tegenstelling tot 2023, toen de toename voornamelijk werd veroorzaakt door een uitbraak met één cluster [26]. Van de *S. Typhimurium*-isolaten clusterde 73 procent (n=137) met een ander humaan isolaat, met in totaal 32 clusters met een gemiddelde clustergrootte van zeven isolaten (mediane grootte: 3; maximale grootte: 36). Van de monofasische *S. Typhimurium*-isolaten clusterde 40 procent (n=36) met een ander humaan isolaat, met in totaal 17 clusters met een gemiddelde clustergrootte van vijf isolaten (mediane grootte: 3; maximale grootte: 16). Van de overige serotypen clusterde 45 procent (n=344) met een ander humaan isolaat, met in totaal 119 clusters met een gemiddelde clustergrootte van zeven isolaten (mediane grootte: 3; maximale grootte: 144).

In totaal is er bij drie clusters/uitbraken een uitbraakonderzoek uitgevoerd. Deze zijn ook opgenomen in hoofdstuk 12

Voedselgerelateerde uitbraken:

- Sinds juni 2025 werd in de kiemsurveillance een groeiend cluster van *S. Enteritidis* gezien dat een significante omvang had binnen de doorlopende algehele verheffing van *S. Enteritidis*. In totaal bestond het cluster uit 80 patiënten in 2025. Waar de algemene

verheffing met name gerelateerd was aan de consumptie van eieren kwam bij dit cluster uit vragenlijstonderzoek een sterke verdenking voor kippenvlees als bron van de uitbraak naar voren. De uitbraak kwam echter uit zichzelf tot een einde voordat de bron gevonden kon worden.

- Er werd een cluster van 15 *S. Typhimurium* patiënten gezien waarvan de isolaten allemaal in oktober 2025 waren ontvangen. Vragenlijstonderzoek deed vermoeden dat rundvlees, vooral filet américain, de bron was van de uitbraak. Op het moment dat deze informatie bekend was werden er echter geen nieuwe patiënten meer gezien binnen de surveillance en kon de bron niet meer achterhaald worden.
- In november 2025 werd een uitbraakonderzoek gestart naar een cluster van *S. Enteritidis* bestaande uit 36 patiënten, waarvan één in 2023 en 35 in 2025. De meeste patiënten in 2025 werden gemeld in september (n=8) en oktober (n=10). Hoewel er meerdere niet-humane isolaten gerelateerd waren aan dit cluster, bleek uit tracing dat ze niet de oorzaak waren van deze uitbraak. Zo waren er isolaten afkomstig van een leghenbedrijf dat in 2025 niet meer bestond. Het cluster was ook verwant aan één van drie subclusters binnen een eerdere Europese uitbraak in 2023, die gerelateerd was aan kippenvlees, met name kipkebab [27]. Het cluster kwam vanzelf ten einde aan het einde van 2025 voordat de bron van de uitbraak gevonden werd.

#### 4.5 Tabellen en grafieken

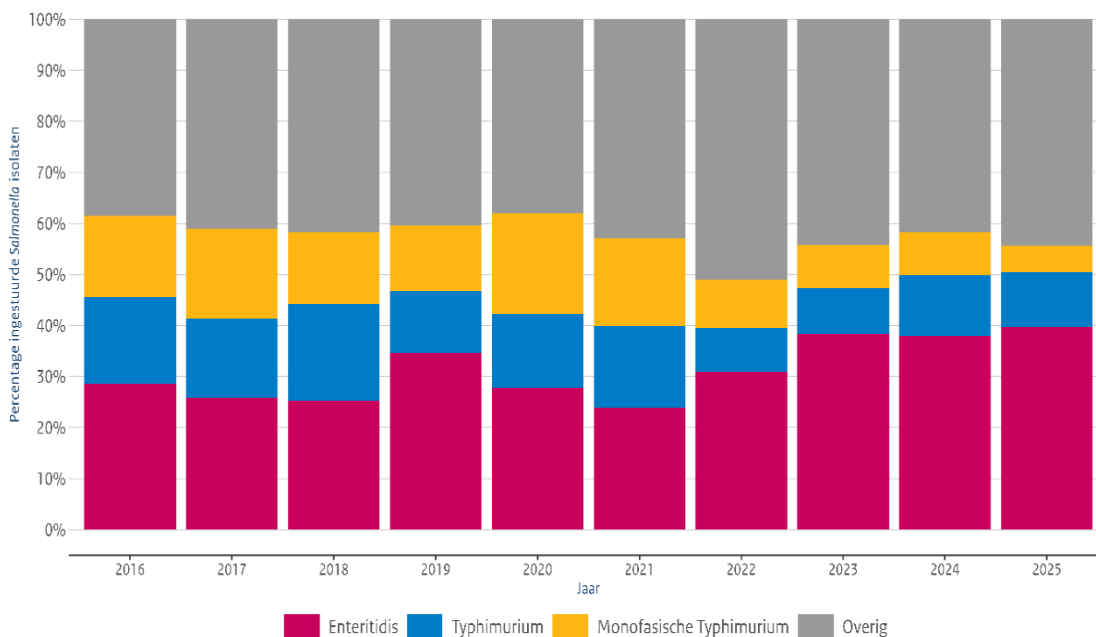
Tabel 4.1. Absolute aantallen *Salmonella enterica* isolaten - totaal en per belangrijkste serotype - ontvangen door het RIVM in de humane kiemsurveillance. Alle andere serotypes zijn samengevoegd onder 'overige'.

Jaar	2020	2021	2022	2023	2024	2025	Reis (2025)
<b>Totaal</b>	<b>697</b>	<b>852</b>	<b>1122</b>	<b>1511</b>	<b>1666</b>	<b>1736</b>	<b>19%</b>
Serotypes							
Enteritidis	194	203	349	585	641	694	14%
Typhimurium	101	137	97	134	199	187	12%
Monofasische Typhimurium	138	147	106	130	144	91	9%
Overige	264	365	570	662	682	764	26%

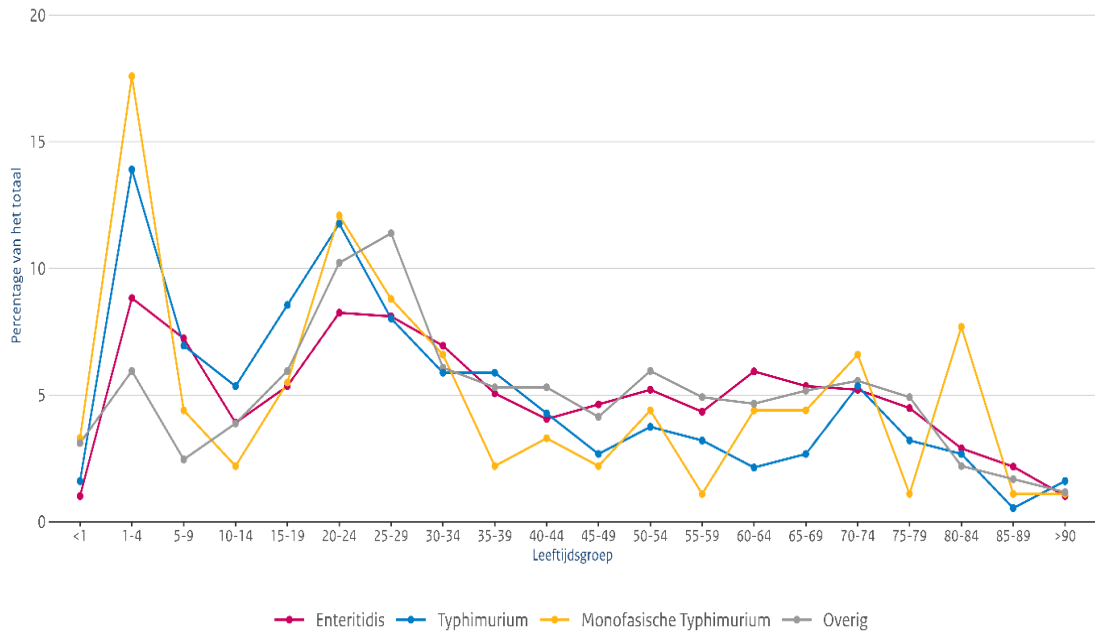
**Figuur 4.1** Aantal ontvangen isolaten van *Salmonella* Enteritidis, *S. Typhimurium*, monofasische *S. Typhimurium* en overige serotypen in de kiemsurveillance per jaar



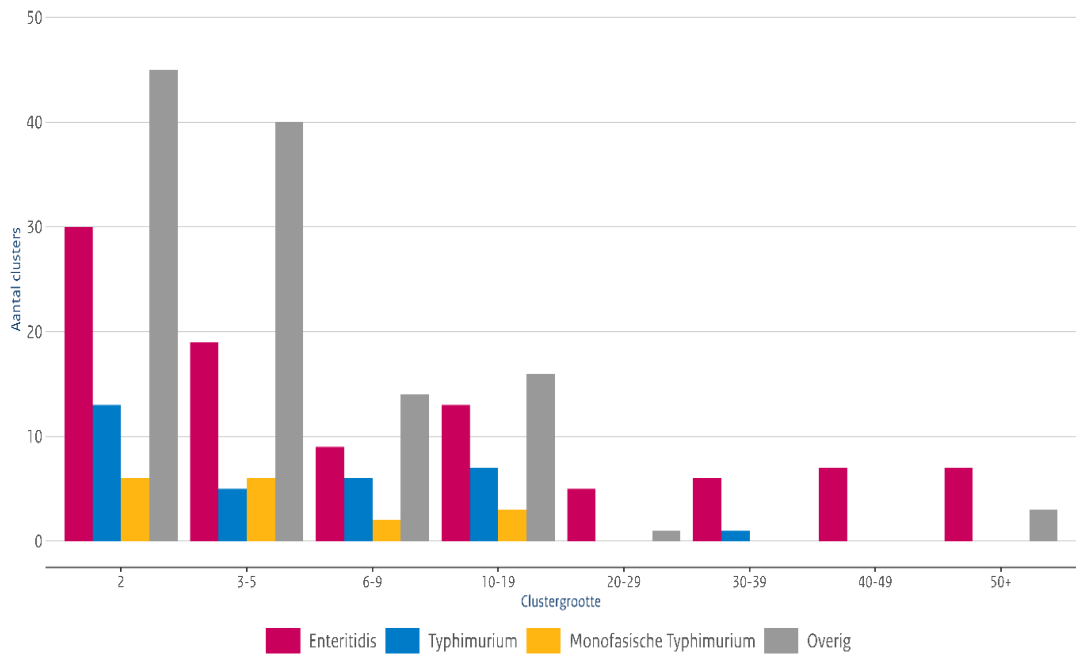
**Figuur 4.2** Relatief aandeel *Salmonella* Enteritidis, *S. Typhimurium*, monofasische *S. Typhimurium* en overige serotypen als percentage van het totaal aantal in de kiemsurveillance ontvangen isolaten per jaar



Figuur 4.3 Percentage van het totaal aantal Salmonella isolaten per leeftijdsgroep in 2025 naar serotype



Figuur 4.4. Clustergrootte van clusters waar ontvangen Salmonella isolaten in 2025 toe behoren. De clustergrootte is bepaald op alle isolaten die tot het cluster behoren sinds 2019





## 5 Shigellose



### 5.1 Hoofdpunten

- In 2025 werden 547 patiënten met shigellose gemeld. Dit is hoger dan in 2024 (507 patiënten) maar lager dan in 2023 toen met 604 patiënten het hoogste aantal sinds de start van de surveillance in 1988 werd gezien.
- De helft van de shigellose-infecties in 2025 was onder reizigers en van de in Nederland opgelopen infecties was bijna de helft MSM.
- In 2025 werden 450 isolaten gesequenced. Er werden tien genetische clusters gedetecteerd met tien of meer patiënten in 2025.

### 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 [28]. 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*. De infectie begint met waterige diarree, vaak vergezeld met bloed en slijm, mogelijk met koorts en buikkrampen. Braken wordt in mindere mate gezien. 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.

### 5.3 Epidemiologische situatie

In totaal werden 547 shigellose-patiënten gemeld in 2025. Dat is hoger dan 2024, toen 507 patiënten werden gemeld, maar lager dan in 2023, toen er 604 patiënten werden gemeld. De toename in het aantal patiënten sinds 2017, onderbroken door een afname tijdens de COVID-19-pandemie, lijkt hiermee niet door te zetten (Figuur 5.1 en Tabel 5.1). Van de 547 shigellose-patiënten in 2025 hadden 269 (49% 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=30), Indonesië (n=21), Egypte (n=19), India (n=19), Kenya (n=14), Tanzania (n=13), Kaapverdië (n=12), Spanje (n=12) en Zuid-Afrika (n=12). Bij 24 patiënten in 2025 was het land van besmetting onbekend.

In 2025 werden 365 mannen (67%) en 181 vrouwen (33%) gemeld met shigellose. Het is gebruikelijk dat shigellose meer voorkomt onder mannen, wat toe te schrijven is aan een verhoogd voorkomen onder mannen die seks hebben met mannen (MSM). Het percentage patiënten

dat MSM betrof was 25 procent (n=134), 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 (45% versus 7%).

Zoals gebruikelijk waren de meest gerapporteerde species *S. sonnei* (53%) en *S. flexneri* (41%). *S. boydii* en *S. dysenteriae* werden respectievelijk 14 (3%) en 9 keer (2%) geïdentificeerd.

## 5.4 Clustering

Sinds april 2022 worden isolaten van *Shigella* die ontvangen worden bij het RIVM verder getypeerd middels whole genome sequencing (WGS) [29]. Isolaten worden gekoppeld aan shigellose-meldingen die de GGD in Osiris registreert. In 2025 konden 387/450 isolaten (86%) gekoppeld worden aan een Osiris-melding op basis van geslacht, geboortjaar, postcode en datum van ontvangst van het isolaat bij het RIVM. Dit is vergelijkbaar met 82 procent in 2024. Andersom konden aan 387 van de 547 Osiris-meldingen (71%) een isolaat gekoppeld worden, vergeleken met 62 procent in 2024.

In 2025 zijn isolaten van 450 patiënten gesequenced, van wie 309 man (69%) en 129 (29%) vrouw. Bij 12 (3%) was het geslacht onbekend. Van de 450 patiënt-isolaten behoorden er 314 (70%) tot één van de 62 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: 2-143). Het grootste cluster (n=143) betrof een multiresistent *S. sonnei*-cluster onder MSM, dat voor het eerst werd gezien in december 2022. Multiresistent betekent dat de bacterie ongevoelig is voor meerdere soorten antibiotica, waardoor infecties moeilijker te behandelen zijn. Hiervan waren 37 patiënten uit 2025. In dit cluster was 6 procent vrouw (n=9), 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 91 patiënten, waarvan 20 patiënten in 2025. Dit cluster bestond voor 8 procent uit vrouwen (n=7). Sinds juni 2024 werd binnen dit cluster een genetisch multiresistent subcluster waargenomen, met 13 patiënten in 2025 en 24 in 2024. Deze stam werd ongevoelig bevonden voor alle orale behandelmogelijkheden met antibiotica. Van de acht andere clusters met minimaal tien patiënten in 2025, waren er vier MSM-clusters met respectievelijk 30, 19, 13 en 12 patiënten, en nog eens 23 patiënten binnen een cluster gerelateerd aan reizen naar Egypte en Jordanië, 15 patiënten binnen een cluster gerelateerd aan reizen naar Marokko, tien patiënten binnen een cluster gerelateerd aan reizen naar Kaapverdië en 15 patiënten binnen een cluster waarbij zowel reizen naar India als MSM contact als bron werden genoemd (zie Figuur 5.2).

De oorzaak van de uitbraak gerelateerd aan reizen naar Kaapverdië (10 patiënten) en een internationale uitbraak gerelateerd aan het vliegveld in Dubai met zeven Nederlandse patiënten is waarschijnlijk voedsel geweest, deze zijn daarom ook opgenomen in de surveillance Voedselgerelateerde uitbraken (hoofdstuk 12).

Voor cijfers over antibioticaresistentie bij *Shigella* verwijzen we naar de rapportage NethMap One Health, die aan het einde van elk jaar wordt gepubliceerd met de cijfers over het voorgaande jaar [30].

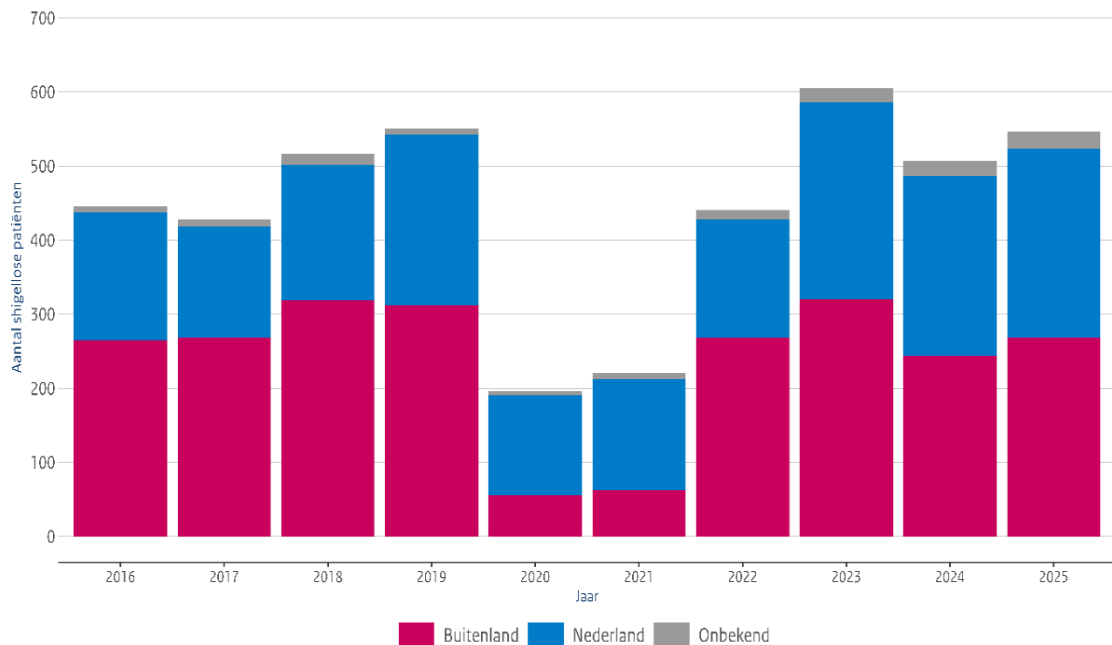
## 5.5 Tabellen en figuren

Tabel 5.1 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met shigellose, 2021-2025

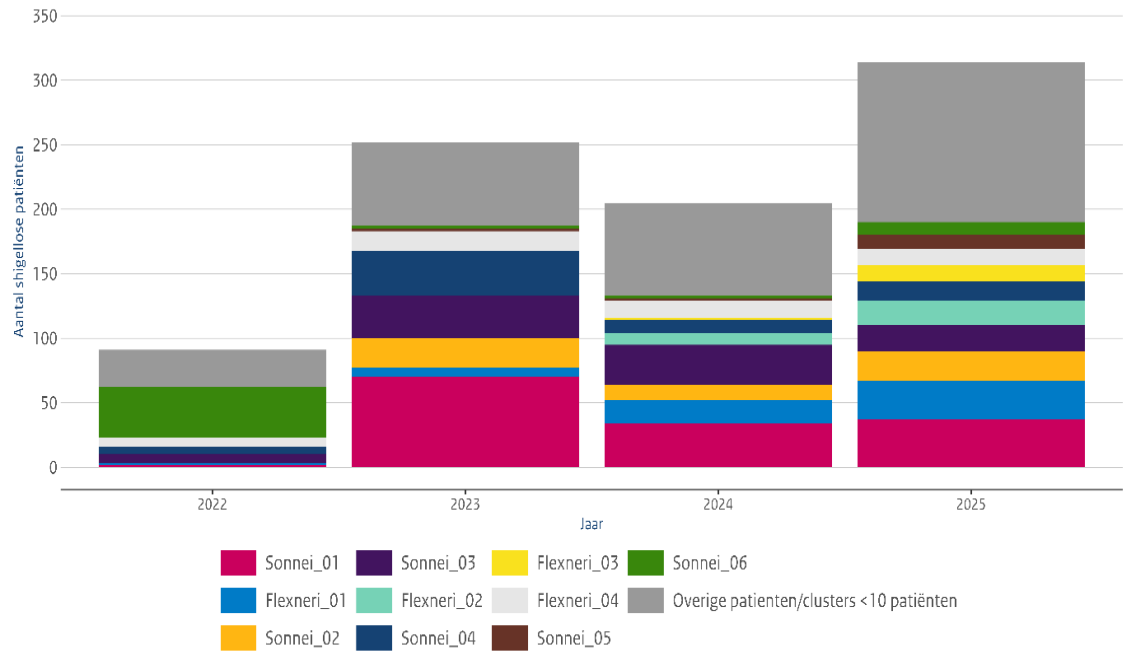
	2021	2022	2023	2024	2025
	N (%)	N (%)	N (%)	N (%)	N (%)
<b>Totaal</b>	<b>221</b>	<b>440</b>	<b>604</b>	<b>507</b>	<b>547</b>
Man	161 (73)	259 (59)	379 (63)	335 (66)	365 (67)
MSM*	73 (33)	86 (20)	139 (23)	141 (28)	134 (25)
Serotype <i>sonnei</i>	96 (43)	274 (62)	425 (70)	265 (52)	289 (53)
Serotype <i>flexneri</i>	111 (50)	124 (28)	162 (27)	204 (40)	226 (41)
Serotype <i>boydii</i>	9 (4)	16 (4)	9 (1)	21 (4)	14 (3)
Serotype <i>dysenteriae</i>	2 (1)	14 (3)	5 (1)	12 (2)	9 (2)
Serotype onbekend	3 (1)	13 (3)	4 (1)	5 (1)	10 (2)
Reis-gerelateerd	63 (29)	268 (61)	319 (53)	244 (48)	269 (49)

\* MSM = Mannen die seks hebben met mannen.

Figuur 5.1 Aantal meldingen van patiënten met shigellose naar jaar en land van besmetting, 2016-2025



*Figuur 5.2 Aantal meldingen van patiënten met shigellose per cluster met minimaal 10 patiënten in 2025, 2022-2025*



## 6 STEC-infecties



### 6.1 Hoofdpunten

- In 2025 werden 649 personen met een STEC-infectie gemeld. Dit komt neer op 35,9 STEC-patiënten per miljoen inwoners. Dit is vergelijkbaar met vorig jaar (642 meldingen) en daarmee nog steeds het hoogste aantal meldingen en incidentie sinds de laatste wijziging van de meldingscriteria in 2016.
- De oorzaak van het hogere aantal infecties is echter onduidelijk. Het aantal STEC O157 en O26 is relatief stabiel over deze jaren, al is er een lichte stijging van het aantal STEC O26 infecties (2021-24: n=19-28; 2025: n=37). De stijging is echter vooral in het aantal meldingen zonder getypeerd isolaat te zien.
- Van 304/649 STEC-patiënten heeft het RIVM een positief fecesmonster of isolaat ontvangen. Hiervan konden 124 niet worden gekweekt of bevestigd worden als STEC. De meest gevonden serotypen waren O157 (n=59), O26 (n=37), O103 (n=14), O145 (n=13) en O146 (n=8).
- Zeventien patiënten ontwikkelden het hemolytisch-uremisch-syndroom (HUS; 2,6%), waaronder vier met STEC O157 (4/59; 7%), drie met een STEC non-O157/O26 (O145 (2), O76; 3/84; 4%) en tien waarvan geen isolaat beschikbaar was (10/469; 2%). Dit is vergelijkbaar met de periode 2021-2024 (11-25 HUS-gevallen; 1,8-5,2%).
- Eén patiënt (0,2%) overleed direct of indirect aan de gevolgen van de STEC-infectie. Het betrof een volwassene ouder dan 50 jaar, zonder een beschikbaar isolaat.
- Op basis van Whole Genome Sequencing werden in totaal 29 clusters met 72 van de 180 humane STEC-isolaten uit 2025 geïdentificeerd, met daarin twee niet-humane isolaten uit 2023 en 45 humane isolaten uit 2020-2024.
- De meeste clustering werd gezien binnen O157: 31 van de 59 O157-patiënten in 2025 behoorden tot een van negen O157-clusters. Het grootste cluster bestond uit 14 Nederlandse patiënten, naast nog vijf personen uit het buitenland, van wie drie de infectie vrijwel zeker in Nederland hadden opgelopen. Uitbraakonderzoek heeft geen bron opgeleverd.

### 6.2 Achtergrond

Shiga toxine-producerende *Escherichia coli* (STEC) is een bacteriële zoönose met herkauwers (runderen en kleine herkauwer zoals schapen en geiten) als belangrijkste reservoir [31]. Een verscheidenheid aan overige diersoorten kunnen echter ook een bron van STEC infecties zijn [32]. De belangrijkste transmissieroute is via voedsel, maar transmissie via het milieu lijkt ook een rol te spelen [31, 33]. 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 [34]. Gemiddeld ontwikkelt 2 tot 7 procent van de met STEC geïnfecteerde personen

HUS, bestaande uit hemolytische anemie, trombocytopenie en acute nierinsufficiëntie.

### 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 en 2025 het hoogste aantal (respectievelijk n=642 en 649) sinds de aanscherping van de meldingscriteria in juli 2016 (zie Figuur 6.1, Tabel 6.1). Laboratoria worden verzocht STEC-isolaten of PCR positief fecesmateriaal (sinds 2024) naar het RIVM in te insturen voor verdere typering. Van 304/649 (47%; in vergelijking tot 42% in 2024 en 34-37% in de periode 2021-2023) STEC-patiënten heeft het RIVM in 2025 een positief fecesmonster of isolaat ontvangen. Hiervan kon van 180 patiënten succesvol een STEC worden getypeerd (28% van alle STEC meldingen en 59% van de ingestuurde isolaten en/of fecesmateriaal). Het percentage meldingen waarbij ook een isolaat getypeerd kan worden, bleef stabiel in de periode 2021-2025 met 28-33 procent.

In totaal werden in 2025 32 verschillende O-types gevonden.

- Het aantal STEC O157-infecties (n=59) is vergelijkbaar met 2021 en 2024 (n=55 en 58), maar een daling ten opzichte van 2022 (n=71) en 2023 (n=70). Procentueel - ten opzichte van het aantal meldingen met typeringsresultaten - zijn er meer STEC O157-infecties in 2025 (33%) dan in 2024 (30%), maar minder dan in 2021-2023 (35-43%; zie Figuur 6.1 en 6.2).
- Het aantal STEC O26-infecties (n=37; 21%) was hoger dan in de periode 2021-2024 (n=19-28; 11-17%).
- Het aantal overige STEC non-O157/O26 (n=84; 47%) is qua aantal iets hoger, maar procentueel vergelijkbaar met 2021-2023 (n=68-80; 41-51%). In 2024 lagen beide hoger: 115 infecties (59%).
- Binnen de overige STEC non-O157/O26 werd STEC O103 (n=14; 8%) het meest gezien, gevolgd door STEC O145 (n=13; 7%) en STEC O146 (n=8; 4%).

Over de periode 2021-2025 waren na O157 (n=313; 36%) en O26 (n=128; 15%), O103 (n=67; 8%), O145 (n=74; 7%), O146 (n=36; 4%), O63 (n=31; 4%) en O111 (n=27; 4%) de vijf meest gevonden O-types.

De STEC O157-isolaten hadden zowel een *stx1*- als een *stx2*-gen (29%) of alleen een *stx2*-gen (69%), één isolaat had alleen een *stx1*-gen (2%). Bij STEC O26 kwam alleen het *stx2*-gen (46%) het meest voor, gevolgd door alleen *stx1* (35%) of *stx1* + *stx2* (19%). Alle 59 STEC O157- en 37 STEC O26-isolaten hadden het *eae*-aanhechtingsgen. Bij de overige STEC non-O157/O26-isolaten (n=84) was de verdeling: 38 procent *stx2* en *eae* (waarvan 10 *stx2f*), 20 procent *stx1* en *eae*, 13 procent *stx1*+2 en *eae*, 15 procent *stx2* zonder *eae*, 10 procent *stx1*+2 zonder *eae* en 4 procent *stx1* zonder *eae*.

Iets minder mannen (44%) dan vrouwen werden gediagnosticeerd met een STEC-infectie, vergelijkbaar met voorgaande jaren (zie Tabel 6.1). In 2025 werden de meeste infecties van STEC O157 in de

leeftijdsgroepen 0-4 jaar (14%), en 10-19 & 20-29 jaar (elk 17%) en van STEC O26 in de leeftijdsgroepen 0-4 jaar (16%) en 10-19, 20-29 & 40-49 jaar (elk 14%). Ook bij infecties met overige STEC non-O157 was de leeftijdsgroep 0-4 jaar het grootst (20%), gevolgd door 30-39 jaar (17%). In de groep waarvoor geen isolaat beschikbaar was, is de leeftijdsgroep 20-29 jaar (18%) het meest aanwezig (zie Figuur 6.2).

Van de STEC O157-patiënten werd 44 procent opgenomen in een ziekenhuis (24-40% in 2021-2024) ten opzichte van 37 procent van de STEC O26-patiënten (33-47% in 2021-2024), 15 procent van de overige STEC non-O157-patiënten (21-30% in 2021-2024) en 26 procent van de patiënten van wie geen isolaat of typering beschikbaar was (24-29% in 2021-2024). HUS werd gemeld voor 17 patiënten (2,6%), onder wie tien kinderen in de leeftijd 1-9 jaar, twee tieners en vijf volwassenen van 41 tot 87 jaar. Het aantal HUS patiënten is daarmee vergelijkbaar met de voorgaande jaren (11-25 gevallen; 1,8-5,2%; Tabel 6.1). Vier HUS-patiënten hadden een STEC O157-infectie (twee kinderen, een tiener en een volwassene), twee kinderen met HUS hadden een STEC O145-infectie en een kind een STEC O76-infectie. Bij de overige HUS-patiënten was geen isolaat beschikbaar (vier kinderen en drie volwassenen) of was er geen typering beschikbaar (een kind, een tiener en een volwassene). Eén volwassene (50+ 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 (2021-2025: 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%).

Het percentage patiënten dat meldde de infectie meest waarschijnlijk in het buitenland te hebben opgelopen (27%; 170/631), was in 2025 iets hoger dan in 2022-2024 (22-24%; zie Tabel 6.2). De reis-gerelateerde infecties in 2025 werden opgelopen in Afrika (52%), Azië (22%), Europa (19%), en Noord- (1%) Midden- (2%) of Zuid-Amerika (4%) of in Oceanië (1%). De meest genoemde landen waren Egypte (n=50), Turkije (n=13) en Marokko (n=11); over de periode 2021-2025 bestond de top vijf van genoemde landen uit Egypte (138/600; 23%), Turkije (85/600; 14%), Marokko (41/600; 7%), Indonesië (32/600; 5%) en Tanzania (26/600; 4%). Vooral het aantal infecties opgelopen in Egypte is in 2025 gestegen (50 meldingen ten opzichte van 24-32 in 2022-2024), terwijl het aantal uit Marokko is afgenomen (13 meldingen ten opzichte van 20-24 in 2022-2024).

In 2025 waren er naast de 649 meldingen ook nog acht meldingen van STEC infecties vanuit Bonaire. Van één melding is ook materiaal op het RIVM ontvangen, maar kon de STEC niet bevestigd worden. Het betrof in deze acht meldingen zes vrouwen en twee mannen in de leeftijd 2-68 jaar (mediaan 21 jaar).

## 6.4 Clustering

In totaal werden 29 clusters (twee of meer patiënten met een isolaat dat op basis van core-genoom MLST typering maximaal zeven allelen verschillen) met negen verschillende O-types en 72 van de 180

beschikbare humane isolaten uit 2025 geïdentificeerd, met daarin twee niet-humaan isolaten uit 2023 en 45 humane isolaten uit 2020-2024. De meeste clustering werd gezien binnen O157: 31 van de 59 (53%) O157-patiënten in 2025 behoorden tot een van negen O157-clusters.

- Het grootste O157-cluster in 2025 bestond uit 15 patiënten, waaronder een buitenlander die in Nederland besmet geraakt was en in een Nederlands ziekenhuis was getest. Uit het uitbraakonderzoek is geen bron naar voren gekomen, wel werden nog vier extra patiënten vanuit drie andere landen gemeld, waarvan twee vrijwel zeker de besmetting in Nederland hadden opgelopen. Opvallend was dat negen van de veertien (64%) Nederlandse patiënten in het ziekenhuis opgenomen waren en twee HUS ontwikkelden. Deze uitbraak (alleen de 14 Nederlandse patiënten) is ook opgenomen in hoofdstuk 12 Voedselgerelateerde uitbraken.
- Verder is er een O157-cluster dat voor het derde jaar op rij gezien werd met drie patiënten in 2023, zes in 2024 en vijf in 2025. Aan de hand van de beschikbare informatie komt geen bron naar voren.
- In de maanden april tot en met juni waren er zeven volwassenen (waarvan zes vrouwen) in de leeftijd 19-54 jaar binnen een nieuw O26-cluster. Gezien de relatieve korte periode waarin deze stam gezien werd, zou kunnen wijzen op een gemeenschappelijke bron.
- Drie clusters bestonden uit drie patiënten uit 2025. Het cluster met STEC O103 was een nieuw cluster, en gezien de regionale en tijdsclustering vermoedelijk met een gezamenlijke bron. Het O26-cluster had daarnaast ook een patiënt in 2023 en twee in 2024. Behalve dezelfde stam waren binnen dit cluster weinig overeenkomsten zichtbaar. Het laatste cluster was een O145-cluster dat vorig jaar opviel met acht patiënten in 2024 en één in 2023, zonder duidelijke bron. De drie zieken die erbij zijn gekomen in 2025 hebben niet meer inzicht gegeven.
- Twee clusters bestonden uit een humaan isolaat uit 2025 en een niet-humaan isolaat uit 2023 (1x O71 en 1x O146). Aangezien het maar een patiënt per cluster betrof en er anderhalf tot twee jaar tussen het niet-humane isolaat en humane isolaat zat, werd geen verdere actie ondernomen.
- 21 clusters bestonden uit 1-2 isolaten uit 2025 en 1-6 isolaten uit 2020-2024 met een maximum van vier isolaten uit één jaar. De gevonden O-types waren O63 (n=4), O103 (n=2), O108, O121, O125 (n=2), O145 (n=3), O146, en O157 (n=7).

## 6.5 Tabellen en figuren

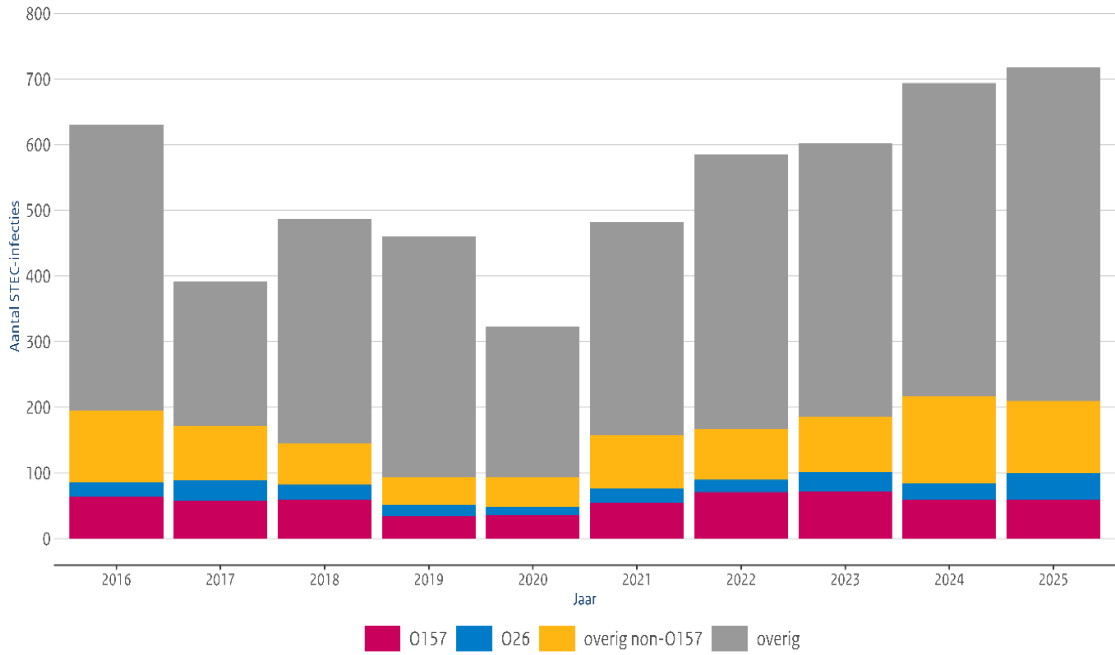
Tabel 6.1 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met een STEC-infectie, 2021-2025

	2021	2022	2023	2024	2025
<b>Totaal</b>	<b>483</b>	<b>583</b>	<b>573</b>	<b>642</b>	<b>649</b>
STEC O157	55	71	69	58	59
STEC O26	22	19	28	22	37
Overig STEC non-O157	80	77	68	114	84
Geen isolaat	326	416	407	448	469
Man	211 (44%)	266 (46%)	253 (44%)	271 (42%)	285 (44%)
Leeftijd mediaan (spreiding)	40 (0-99)	41 (0-97)	44 (0-96)	49 (0-100)	38 (0-98)
Ziekenhuisopname	142 (30%)	140 (25%)	156 (28%)	164 (26%)	170 (27%)
Ziekenhuisopname: O157	22 (40%)	17 (25%)	18 (26%)	14 (24%)	26 (44%)
Ziekenhuisopname: O26	8 (36%)	9 (47%)	9 (33%)	8 (38%)	13 (37%)
Ziekenhuisopname: Non-O157	23 (29%)	19 (25%)	14 (21%)	33 (30%)	12 (15%)
Ziekenhuisopname: Geen typering	89 (28%)	95 (24%)	115 (29%)	109 (25%)	119 (26%)
HUS	25 (5,2%)	16 (2,8%)	21 (3,7%)	11 (1,7%)	17 (2,6%)
HUS: O157	4	3	3	1	4
HUS: O26	1	3	2	0	0
HUS: overig non-O157	5	2	2	2	3
HUS: geen typering	15	8	14	8	10
Overleden	2 (0,4%)	4 (0,7%)	5 (0,9%)	1 (0,2%)	1 (0,2%)

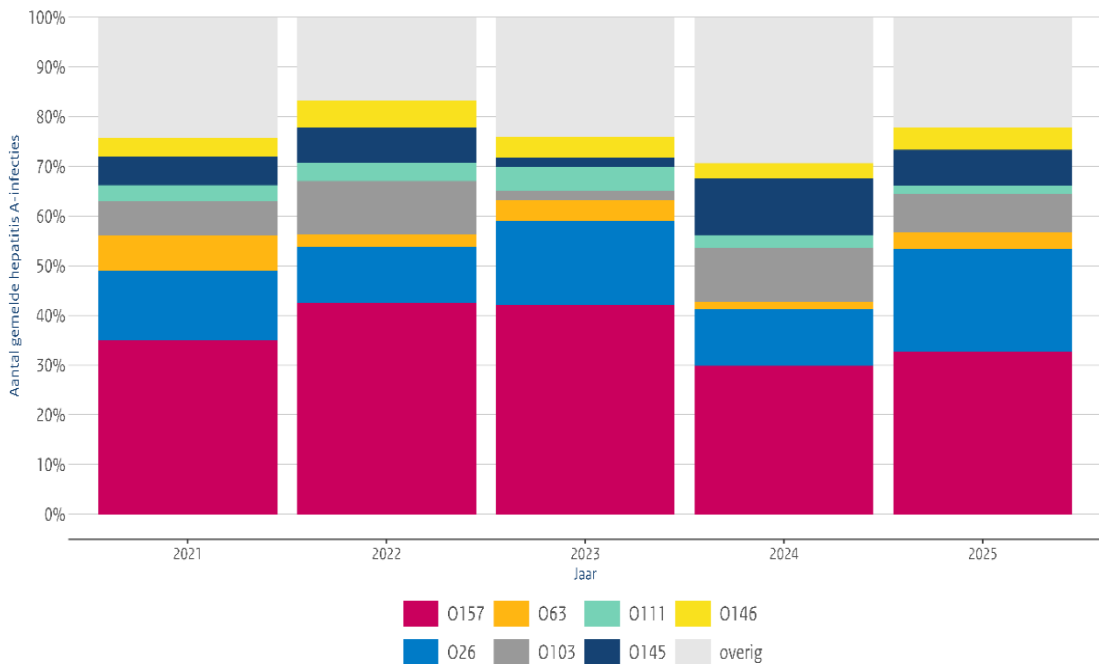
Tabel 6.2 Reis-gerelateerde STEC-infecties naar continenten, 2021-2025

	2021	2022	2023	2024	2025
Buitenland	33/470 (7%)	122/553 (22%)	128/550 (23%)	147/619 (24%)	170/631 (27%)
Europa	14 (42%)	22 (18%)	16 (13%)	29 (20%)	33 (19%)
Afrika	4 (12%)	53 (43%)	51 (40%)	66 (45%)	88 (52%)
Azië	11 (33%)	35 (28%)	49 (38%)	43 (29%)	38 (22%)
Noord-Amerika	3 (9%)	3 (3%)	2 (2%)	3 (2%)	1 (1%)
Midden-Amerika	1 (3%)	4 (3%)	5 (4%)	4 (3%)	3 (2%)
Zuid-Amerika	0	5 (4%)	4 (3%)	2 (1%)	6 (4%)
Oceanië	0	0	1 (1%)	0	1 (1%)

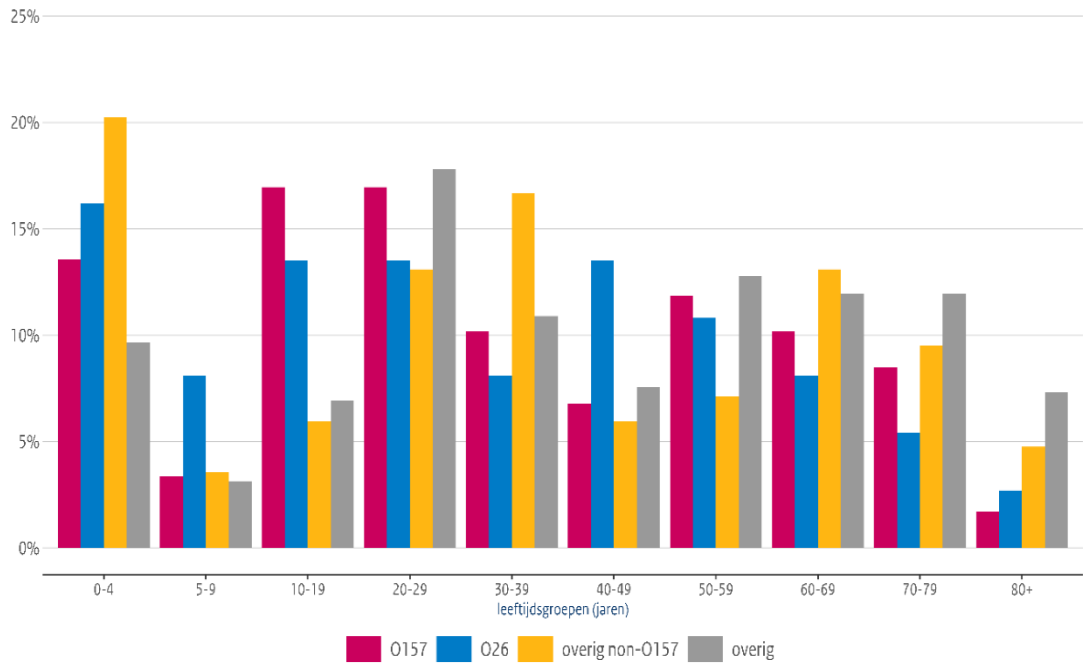
**Figuur 6.1** Aantal gerapporteerde patiënten met een STEC-infectie naar typering, 2016-2025. In juli 2016 heeft er een wijziging in de meldingscriteria plaatsgevonden



**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, 2021-2025



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





## 7 Listeriose



### 7.1 Hoofdpunten

- In 2025 werden 97 personen met listeriose gemeld (5,4 patiënten per miljoen inwoners). Het aantal meldingen is daarmee vergelijkbaar met het mediane aantal meldingen in de periode 2016-2024 (n=96).
- Zes volwassen patiënten (7%) overleden direct of indirect aan de gevolgen van listeriose.
- Het aantal en percentage zwangeren varieerde tussen 2016 en 2024 van een tot 12 zwangeren en 1-13% van alle meldingen per jaar. In 2025 werd listeriose bij in totaal acht zwangeren (8%) gemeld. De ziektelast in deze groep was daarbij hoog aangezien drie baby's doodgeboren werden of overleden kort na de geboorte.
- Op basis van whole genome sequencing (WGS) behoorden 46 van de 83 humane isolaten uit 2025 tot een cluster. Er werden 26, zowel al bestaande als nieuwe, clusters geïdentificeerd met een tot zes isolaten uit 2025.
- Twee clusters, die met 4-5 isolaten groeiden, betroffen grotere clusters uit eerdere jaren, gerelateerd aan visproductielocaties. Daarnaast was er één patiënt die onderdeel was van een Franse/internationale uitbraak.

### 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 die uit via de feces. De bacterie kan overleven en zelfs groeien onder ongunstige omstandigheden, evenals 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 besmet raken, wat vooral een risico vormt als het product daarna niet meer (voldoende) verhit wordt.

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. Bij zwangeren kan de infectie leiden tot intra-uteriene vruchtdood en vroeggeboorte, waarbij de vrouwen zelf geen ziekteverschijnselen hoeven te vertonen.

### 7.3 Epidemiologische situatie

In 2025 werden 97 patiënten met listeriose gerapporteerd. Hiervan werden 92 patiënten via Osiris gemeld (van 78 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 5,4 patiënten per miljoen inwoners en is vanaf 2020 stabiel (zie Figuur 7.1). De incidentie, gebaseerd op gegevens over 2021-2025, 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 duidelijk hoger onder mannen dan onder vrouwen. De mediane leeftijd van alle patiënten in 2025 was 74 jaar (range 19-96 jaar) en 48 procent van de patiënten was man (zie Tabel 7.1). Acht patiënten (8%) waren zwanger tijdens de *Listeria*-infectie; vier baby's zijn levend geboren. Drie baby's werden doodgeboren of overleden kort na de geboorte. Eén zwangere was nog zwanger ten tijde van de melding. Van de 92 volwassen patiënten waarvoor dit bekend was, werden er 90 opgenomen in het ziekenhuis (98%). Van 89 (volwassen) patiënten van wie het beloop van de infectie bekend was, zijn er zes overleden (7%) met een mediane leeftijd van 83,5 jaar (range 74-93 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 2016-2025 stierf gemiddeld 11 procent van de gemelde volwassen patiënten.

De meest voorkomende ziektebeelden, zoals gemeld tijdens de diagnose, waren meningitis, maag-darminfectie en sepsis (zie Figuur 7.3). Meningitis werd het meest gemeld (22/92 patiënten; 24%), gevolgd door maag-darminfectie (21/92 patiënten; 23%) en sepsis (18/92 patiënten; 20%). Longontsteking werd in de afgelopen paar jaren steeds minder vaak gemeld: tussen 7% en 12% in 2016-2022, sinds 2023 is dit 3-5% (2025: 5/92; 5%). Encefalitis werd in 2025 driemaal gemeld en endocarditis eenmaal. Er kunnen meerdere diagnoses per patiënt gemeld worden.

Mensen met onderliggend lijden en/of medicijngebruik hebben een verhoogd risico op listeriose. In 2025 hadden negen patiënten (10%) geen onderliggend lijden en gebruikten zij geen immunosuppressiva of maagzuurremmers. Opvallend daarbij was dat twee van deze negen patiënten jongvolwassenen waren, de overigen waren 65-plussers. Maagzuurremmers werden door 55 procent van de listeriose-patiënten gebruikt en 37 procent slikte immunosuppressiva. De meest genoemde onderliggende ziekten in 2024 waren kanker (25%), hartziekten (23%) en diabetes (15%).

Van 83 patiënten werd het isolaat door het NRLBM doorgestuurd. De meeste isolaten waren afkomstig uit bloed (81%), liquor (12%), of zowel bloed als liquor (4%). De overige isolaten waren afkomstig uit pericardvocht, oog en pus. De manier van serotyperen bij NRLBM is in de loop van 2025 veranderd en was beschikbaar voor 77 isolaten. Serotype 4b werd het vaakst gezien (38/77; 49%). Geen verschil tussen de eerdere serotypering en de blot type 4b). Blot type 1/2 omvat de serotypes 1/2a, 1/2b en 1/2c en werd gezien bij 28 isolaten, plus in de eerste deel van het jaar ook nog viermaal 1/2a en driemaal 1/2b. Tot slot werd tweemaal blot type 1/2\* geïdentificeerd, welke naast serotypes 1/2a, 1/2b en 1/2c ook nog serotype 3a of 3b kan zijn.

## 7.4 Clustering

In totaal werden 26 clusters (twee of meer isolaten die op basis van core-genoom MLST typering maximaal zeven allelen verschillen, dit kan over meerdere jaren) geïdentificeerd met 46 van de 83 (55%) humane isolaten uit 2025. Het aantal humane isolaten uit 2025 per cluster was één (18 clusters), twee (3 clusters), drie of vier (3 clusters) en vijf of zes (2 clusters). Van de 26 clusters bevatten 13 clusters minimaal een niet-humaan isolaat. Noemenswaardige clusters waren:

- Een Nederlandse patiënt die onderdeel was van een Franse/internationale uitbraak veroorzaakt door kaas geproduceerd in Frankrijk. Deze staat ook beschreven in hoofdstuk 12 Voedselgerelateerde uitbraken.
- Twee patiënten die ten tijde van de besmetting in het ziekenhuis lagen. Het betrof hierbij hetzelfde ziekenhuis, maar twee verschillende locaties en afdelingen. Ook dit cluster is opgenomen in hoofdstuk 12 Voedselgerelateerde uitbraken.
- Twee clusters uit voorgaande jaren waarbij de besmetting gerelateerd is aan locaties waar vis verwerkt wordt, groeiden in 2025 met vier of vijf humane isolaten.
- Eén cluster met zes isolaten in 2025 en een in 2022, zonder een match met een niet-humaan isolaat. Geen geografische of tijdsclustering. De consumptiegegevens uit osiris leidden daarbij ook niet tot een bron.

Opvallend is dat een groot deel van de clusters (15/26 clusters) is samengesteld uit isolaten uit meerdere jaren. 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 dan wel noodzakelijk zijn.

In 2025 zijn voor zeven voedselproducten veiligheidswaarschuwingen (zie <https://www.nvwa.nl/onderwerpen/voedselveiligheid/veiligheidswaarschuwingen>) uitgegaan voor mogelijke besmetting met *Listeria*, te weten vier keer voor visproducten, waarvan drie keer voor gerookte visproducten, twee keer voor rundvleesproducten en eenmaal voor geraspte kaas. Alle recalls waren uit voorzorg, voor zover bekend hebben deze producten geen ziekten 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.

## 7.5 Tabellen en figuren

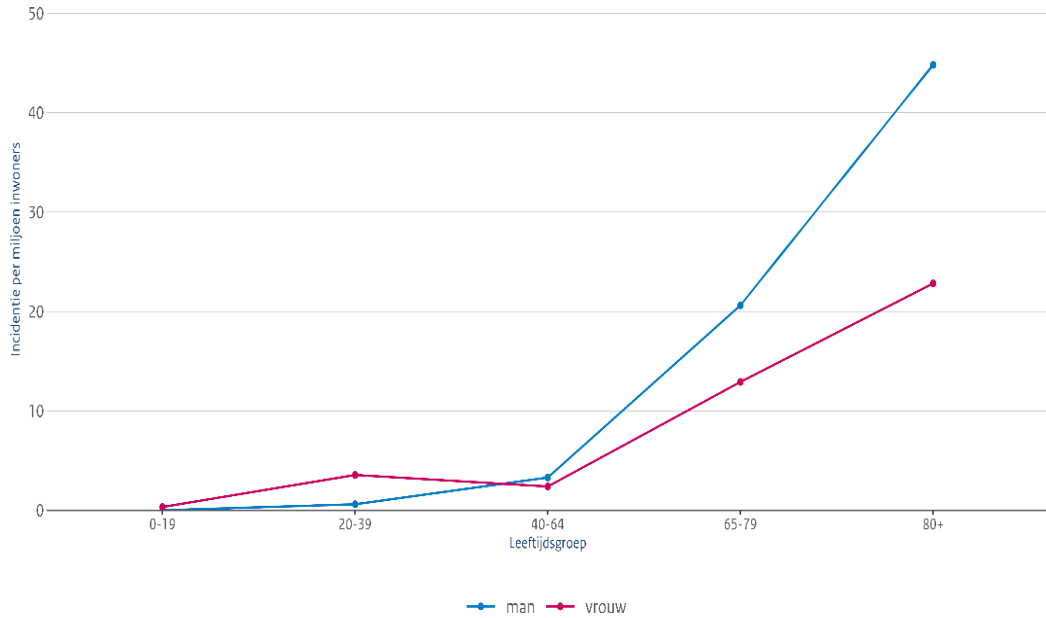
Tabel 7.1 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met listeriose, 2021-2025

	2021	2022	2023	2024	2025
<b>Totaal</b>	<b>94</b>	<b>102</b>	<b>95</b>	<b>116</b>	<b>97</b>
Osiris-melding + isolaat	79 (84%)	85 (83%)	89 (94%)	100 (86%)	78 (80%)
Alleen Osiris-melding	14 (15%)	15 (15%)	5 (5%)	12 (10%)	14 (14%)
Alleen isolaat	1 (1%)	2 (2%)	1 (1%)	4 (3%)	5 (5%)
Man	50 (53%)	64 (63%)	55 (58%)	55 (47%)	47 (48%)
Zwanger	12 (13%)	8 (8%)	6 (6%)	9 (8%)	8 (9%)
Leeftijd mediaan (spreiding)	75 (27-95)	75 (28-94)	70 (23-93)	74 (1-97)	74 (19-96)
Overleden	11/94 (12%)	12/97 (12%)	14/92 (15%)	10/107 (9%)	6/89 (7%)
Leeftijd overlijden mediaan (spreiding)	81 (56-87)	77 (60-94)	83 (57-87)	82 (69-91)	83,5 (74-93)

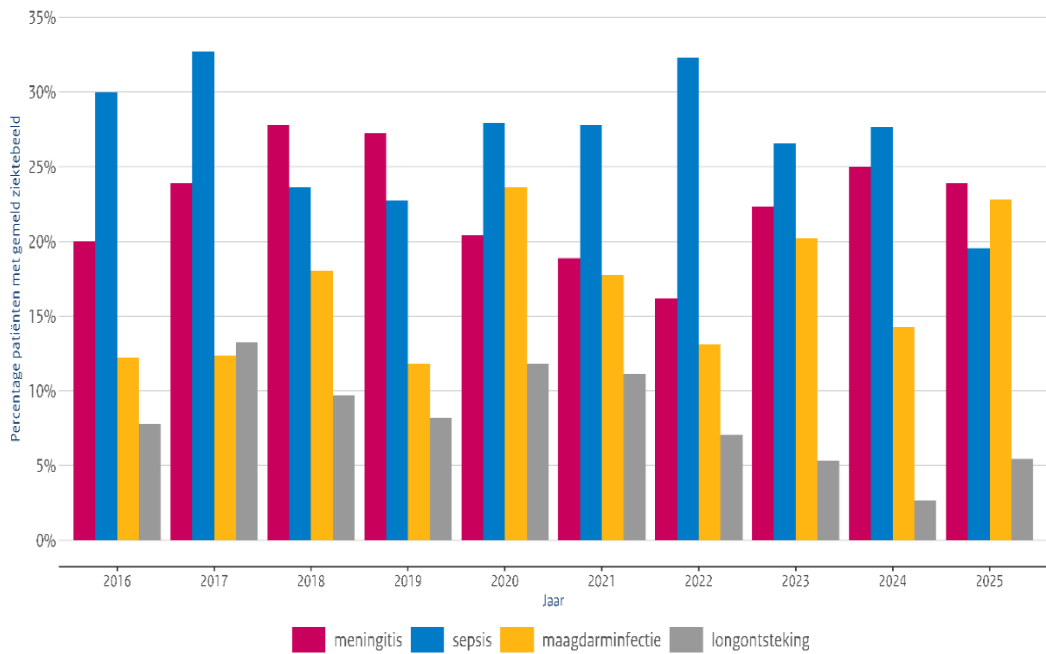
Figuur 7.1 Incidentie van listeriose per miljoen inwoners, 2016-2025



Figuur 7.2 Incidentie van listeriose per miljoen inwoners, per leeftijdsgroep (jaren) en geslacht, 2021-2025



Figuur 7.3 Verdeling van vier belangrijkste ziektebeelden van listeriose, 2016-2025





## 8 Hepatitis A



### 8.1 Hoofdpunten

- In 2025 werden 240 personen met hepatitis A gemeld. Dat komt neer op 13,3 patiënten per miljoen inwoners. Dit is vergelijkbaar met 2024 (238 meldingen), na de sterke stijging ten opzichte van 2022 (n=92) en 2023 (n=153).
- Van 200 patiënten werd materiaal ingestuurd voor verdere typering. Bij de meerderheid werd genotype I.A gevonden.
- Voor zover bekend is geen van de gemelde patiënten aan hepatitis A overleden.
- Het oplopen van de infectie in het buitenland was de meest voorkomende waarschijnlijke bron van infectie in 2025. Het aandeel in het buitenland opgelopen infecties (36%) is daarmee vergelijkbaar met de jaren vóór de coronapandemie en 2022-2024.
- Bij veel patiënten blijft de infectiebron onbekend. Dit aandeel is toegenomen ten opzichte van de periode 2021-2024.
- In 2025 behoorden 167 van 240 patiënten tot een epidemiologisch en/of microbiologisch cluster: 39 epidemiologische clusters met in totaal 73 patiënten en 33 microbiologische clusters met in totaal 143 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 [35]. 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. In een klein deel van de patiënten ontstaat een levensbedreigende acuut leverfalen.

### 8.3 Epidemiologische situatie

In 2025 werden 240 patiënten met hepatitis A gemeld (zie Figuur 8.1). Dat staat gelijk aan een incidentie van 13,3 patiënten per miljoen inwoners. Het aantal gemelde patiënten is daarmee vergelijkbaar met 2024 (238 patiënten), na een sterke stijging in voorgaande jaren. 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 [36, 37]. 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

tot 153 patiënten. In 2024 en 2025 lag de incidentie (13,3 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 werden meer mannen (n=133) dan vrouwen (n=107) gediagnosticeerd met hepatitis A, wat in de meeste voorgaande jaren ook het geval was (zie Tabel 8.1). Van de patiënten werd 32 procent opgenomen in een ziekenhuis, wat vergelijkbaar is met 22-35 procent in de jaren 2021-2024. 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 2021-2024 (spreiding: 23-37). De leeftijdsgroepen 20-29 (50 zieken) en 30-39 jaar (49 zieken) werden in 2025 het meest gezien, dit was ook zo in 2024 met respectievelijk 41 en 42 zieken (zie Figuur 8.2). In 2024 waren er meer 10-19 jarigen (38 zieken) dan in 2025 37 zieken.

Op basis van de beschikbare informatie is bekeken wat per melding de meest waarschijnlijke transmissieroute is geweest. De infectie was bij 87 gevallen zeer waarschijnlijk in het buitenland opgelopen (zie Tabel 8.2). Het aandeel van in het buitenland opgelopen infecties (36%) is daarmee vergelijkbaar met de jaren vóór de coronapandemie (2018-2019: 32-40%) en 2022-2024 (34-41%). De meeste reisgerelateerde infecties werden in 2024 opgelopen in Afrika (32%) en Azië (30%). Het aandeel in Europa opgelopen infecties is gestegen ten opzichte van 2024 (28% versus 11%). De meest genoemde landen waren Marokko (n=24), Syrië (n=14) en Cuba (n=7). Bij 98 patiënten (39%) was de transmissieroute onbekend. Daarnaast hadden 19 patiënten (8%) de infectie waarschijnlijk opgelopen via contact met een andere hepatitis A-patiënt, met een minimum van een week tussen de betreffende eerste ziektedagen. Bij 11 patiënten (5%) was er wel een andere zieke, maar de eerste ziektedagen lagen dicht bij elkaar of dit was onbekend. Voor 13 patiënten (5%) was voedsel de meeste waarschijnlijke transmissieroute. Ook werden 13 infecties (5%) onder MSM gemeld en drie infecties (1%) waren meest waarschijnlijk via het werk opgelopen.

In 2025 werd van 200 (83%) van de patiënten materiaal ingestuurd voor verdere typering (zie Tabel 8.1, Figuur 8.1). Binnen de groep met een beschikbaar isolaat kwam genotype I.A het meest voor (63%), gevolgd door dan genotype I.B (28%). Dit is een verschuiving ten opzichte van 2021-2024, waarin genotype I.B altijd meer voorkwam. Genotype I.A werd in 2025 het meest gezien bij infecties waarvan de oorzaak onbekend was (42%), gevolgd door infecties die in het buitenland waren opgelopen (29%). Genotype I.B werd vooral gezien bij infecties die in het buitenland (47%) waren opgelopen, maar ook waarvan de oorzaak onbekend was (36%).

## 8.4 Clustering

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 totaal 167 patiënten in 2025 waren onderdeel van een of beide type clusters.

Er werden 39 epidemiologische clusters gemeld met 73 patiënten in 2025; drie van de 39 clusters bestonden daarnaast uit 1-2 patiënten die in 2024 ziek waren geworden. De meeste clusters speelden binnen het gezin/huishouden (29 clusters) of overige familie/vrienden (7 clusters). Verder was er één cluster binnen het huishouden en een schoolgenoot, één via collega's en één waarbij de bron zowel een huisgenoot als een familielid kon zijn geweest. Het grootste epidemiologische cluster bestond uit vier personen, waarbij de index de infectie in Marokko had opgelopen. In totaal 27 epidemiologische clusters waren geheel of gedeeltelijk onderdeel van 21 microbiologische clusters.

Via de kiemsurveillance werden 33 microbiologische clusters met 143 patiënten in 2025 gedetecteerd. Eén van deze clusters werd het eerst in 2023 gezien bij drie patiënten, vervolgens acht patiënten in 2024 en negen patiënten in 2025. 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. In 2023 waren in ieder geval twee en in 2024 vier van de infecties MSM-gerelateerd. In 2025 werd dit maar bij één patiënt gemeld, maar waren in totaal wel zeven van de negen patiënten man. Opvallend bij dit cluster is dat naast Nederland als land van besmetting ook verschillende andere landen, zowel binnen Europa (Frankrijk, Polen, Portugal, Spanje) als daar buiten (Brazilië, Indonesië) genoemd worden. Een tweede MSM-gerelateerd cluster bestond uit vier patiënten die aangaven MSM te zijn en die de infectie in Duitsland, Roemenië of Spanje hadden opgelopen, en twee patiënten (niet-MSM) die in Nederland geïnfecteerd waren. Bij een derde cluster was de infectie in ieder geval bij twee patiënten MSM-gerelateerd, voor twee patiënten was dit onbekend en de vijfde patiënt binnen dit cluster was een vrouw. Alle vijf patiënten woonden in twee GGD-regio's in het westen van Nederland.

Het grootste microbiologische cluster in 2025 omvat 13 patiënten, van wie zeven patiënten de infectie in Marokko hebben opgelopen, vijf patiënten een secundaire patiënt van deze indexen waren en één patiënt – de meest recente – de infectie in Nederland heeft opgelopen met onbekende bron. Binnen dit microbiologische cluster waren vier epidemiologische clusters met in totaal tien patiënten waaronder twee extra patiënten zonder isolaat, waarvan één de infectie in Marokko had opgelopen en de tweede een secundaire patiënt in Nederland was. Een ander cluster met negen patiënten was ook gerelateerd aan het buitenland. Vijf van de negen patiënten waren in Tsjechië geweest, één in Hongarije en één patiënt was internationaal vrachtwagenchauffeur. Alleen de twee meest recente patiënten hadden de infectie in Nederland opgelopen.

Tot slot waren er in 2025 nog tien patiënten die onderdeel uitmaakten van een uitbraak met in totaal 24 patiënten. Dit cluster ontstond eind november 2024 en liep door tot februari 2025. 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.

## 8.5 Tabellen en figuren

Tabel 8.1 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met hepatitis A, 2021-2025

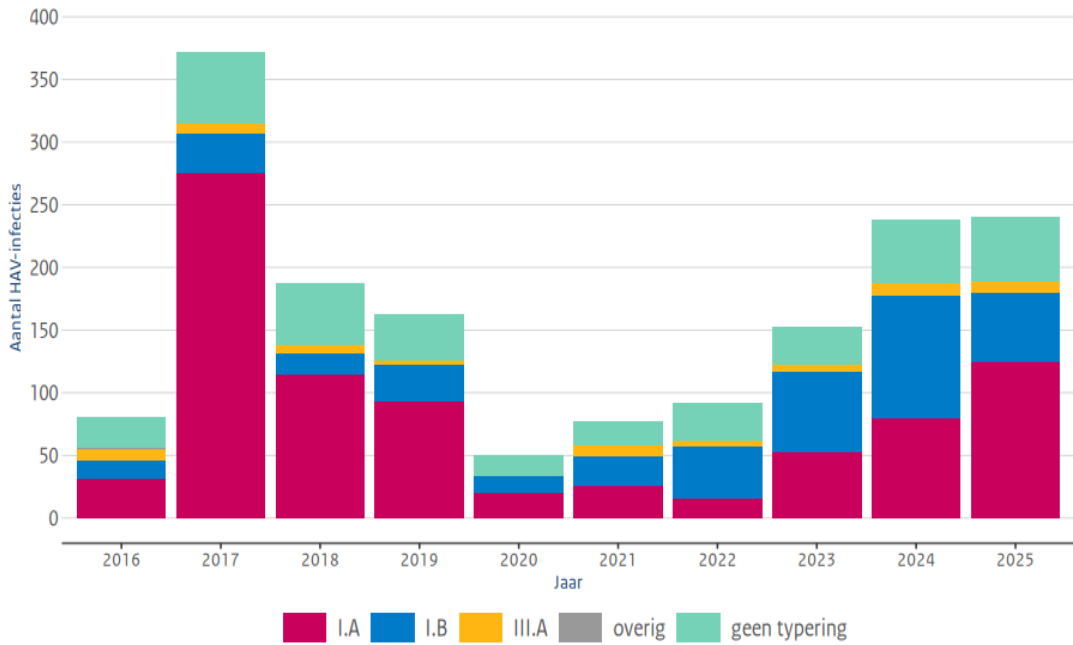
	2021	2022	2023	2024	2025
<b>Totaal</b>	<b>77</b>	<b>92</b>	<b>153</b>	<b>238</b>	<b>240</b>
Man	38 (49%)	53 (58%)	88 (58%)	134 (56%)	133 (55%)
Leeftijd mediaan (spreiding)	37 (0-92)	27 (2-78)	23 (1-82)	29 (1-77)	29 (2-82)
Ziekenhuis- opname	23/77 (30%)	30/85 (35%)	34/153 (22%)	59/236 (25%)	75/238 (32%)
Overleden	0	0	0	0	0
Met isolaat	67 (87%)	66 (72%)	132 (86%)	199 (84%)	200 (83%)
Genotype I.A	26	15	53	80	125
Genotype I.B	23	42	64	97	55
Genotype II.A	0	0	0	0	0
Genotype III.A	9	5	5	10	9
Genotype: niet typeerbaar	4	3	3	9	4
Negatief	5	1	7	3	7

Tabel 8.2 Aantal patiënten met hepatitis A naar meest waarschijnlijke bron, 2021-2025

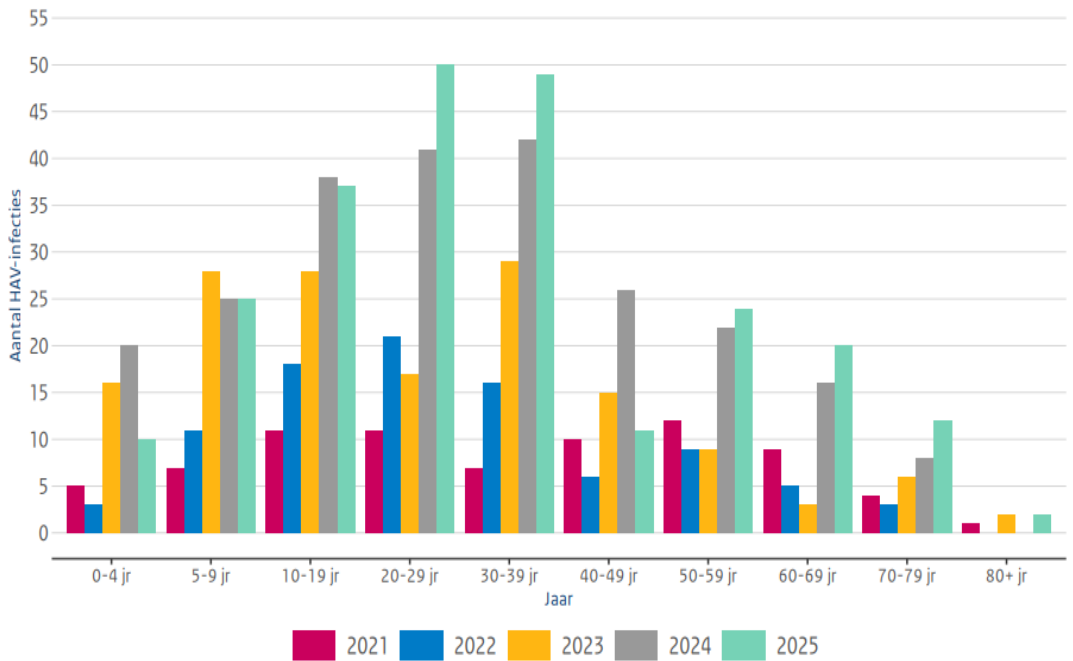
	2021	2022	2023	2024	2025
Sekscontact/MSM	2 (3%)	3 (3%)	3 (2%)	5 (2%)	13 (5%)
Buitenland	17 (22%)	34 (37%)	62 (41%)	80 (34%)	87 (36%)
Europa	1 (6%)	9 (26%)	2 (3%)	9 (11%)	24 (28%)
Afrika	3 (18%)	13 (38%)	27 (44%)	37 (46%)	28 (32%)
Azië	13 (76%)	11 (32%)	26 (42%)	27 (34%)	26 (30%)
Noord-Amerika	0	0	0	2 (2%)	1 (1%)
Midden-Amerika	0	1 (3%)	4 (6%)	3 (4%)	7 (8%)
Zuid-Amerika	0	0	3 (5%)	2 (2%)	1 (1%)
Secundaire case*	5 (6%)	14 (15%)	36 (24%)	38 (16%)	19 (8%)
Epilink*	2 (3%)	1 (1%)	21 (14%)	18 (8%)	11 (5%)
Toilet/riool	0	1 (1%)	0	0	0
Werk	2 (3%)	4 (4%)	8 (5%)	10 (4%)	3 (1%)
Voedsel	25 (32%)	3 (3%)	1 (1%)	30 (13%)	13 (5%)
Onbekend	24 (31%)	32 (35%)	22 (14%)	57 (24%)	98 (39%)

\*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, 2016-2025



Figuur 8.2 Leeftijdsverdeling van patiënten met hepatitis A, 2021-2025





## 9 Andere zoönotische infecties



### 9.1 Botulisme

#### 9.1.1 Hoofdpunten

- In de afgelopen tien jaar zijn slechts zeven gevallen van botulisme gemeld in Nederland.
- In 2025 werd één geval van voedsel-gerelateerd botulisme bevestigd met laboratoriumdiagnostiek. Daarnaast werd één klinisch waarschijnlijk geval gemeld zonder laboratoriumbevestiging.

#### 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 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 mosaic-varianten daarvan. Bij vogels meestal het BoNT C-type of mosaic-type C/D en bij vissen BoNT-type E.

Botulisme geeft een acuut, koortsvrij beeld. De symmetrische, afdalende, slappe verlamming begint altijd met een dubbelzijdige uitval van de aangezichts- en keel-musculatuur. Meestal betreft botulisme bij mensen een voedselvergiftiging, waarbij neurotoxines zijn gevormd in slecht geconserveerde levensmiddelen (bekend zijn zelf ingemaakte producten). Andere vormen van botulisme zijn wondbotulisme en infantiel botulisme. De laatstgenoemde vorm komt voor bij zuigelingen, waarbij uitgroei mogelijk is van sporen van *C. botulinum* in de darm door onvoldoende ontwikkeling van competitieve darmflora.

#### 9.1.3 Epidemiologische situatie

In Nederland komt botulisme bij mensen slechts zeer incidenteel voor. In de periode 2016-2024 zijn er drie voedsel-gerelateerd en één geval van infantiel botulisme gemeld. Daarnaast werd in 2024 voor het eerst een melding gedaan van iatrogeen botulisme, ontstaan na medisch ingrijpen. 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 [38]. In geen van deze gevallen kon de bron van besmetting worden bevestigd. Het geval van infantiel botulisme betrof een zuigeling (<1 jaar) met een laboratorium-bevestigde infectie in 2023. Een zalf op honingbasis, meegebracht uit Zuid-Afrika, werd verdacht als mogelijke bron. Echter konden bij laboratoriumonderzoek hierin geen sporen van *C. botulinum* worden aangetoond. Het in 2024 gemelde geval van iatrogeen botulisme trad op na toediening van botulinetoxine A voor de behandeling van spasticiteit.

Op basis van het lichaamsgewicht was een te hoge dosering toegediend. Na toediening van antitoxine stabiliseerde het neurologisch beeld.

In 2025 onderzocht Wageningen Bioveterinary Research (WBVR) patiëntmateriaal in verband met verdenking op of ter uitsluiting van botulisme. Er werd één geval bevestigd met laboratoriumdiagnostiek, dit betrof voedsel-gerelateerd botulisme. De consumptie van vacuüm verpakte viskoekjes (otak-otak), meegenomen uit Indonesië, werd als de oorzaak van de infectie beschouwd. Het restant van de viskoekjes was niet meer beschikbaar voor onderzoek.

Daarnaast werd in 2025 een patiënt gemeld met een klinisch beeld passend bij botulisme, waarbij geen toxines werden aangetoond. De monsterafname vond meer dan zeven dagen na het ontstaan van de eerste symptomen plaats, wat een waarschijnlijke verklaring is voor het ontbreken van toxinedetectie. Deze casus werd, ondanks het ontbreken van laboratoriumbevestiging, als meldingsplichtig voedsel-gerelateerd botulisme beschouwd. De infectie werd vermoedelijk in Nederland opgelopen, waarbij de bron onbekend bleef.



## 9.2 Brucellose

### 9.2.1 Hoofdpunten

- In 2025 werden zes patiënten met brucellose gemeld, waarvan vijf infecties in het buitenland waren opgelopen, één in Nederland.
- In de afgelopen vijf jaar (2021-2025) zijn in totaal 32 patiënten (2-14 per jaar) gemeld.

### 9.2.2 Achtergrond

Brucellose is een zoönose die wereldwijd voorkomt en veroorzaakt wordt 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. *Brucella*-soorten zijn echter niet strikt soort specifiek. Infecties bij dieren leiden voornamelijk tot reproductiestoornissen en abortus. Humane besmetting vindt voornamelijk plaats door contact met besmette dieren, het drinken van rauwe melk of andere ongepasteuriseerde zuivelproducten. 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. 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*. 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.

### 9.2.3 *Epidemiologische situatie*

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 2025 zijn zes patiënten met brucellose gemeld. Het betrof vijf mannen en één vrouw, van wie de meeste (5) in de leeftijdscategorie 40-64 vielen en één in de categorie 65+. Dit aantal ligt in lijn met de meeste voorgaande jaren, waarin doorgaans slechts enkele gevallen per jaar werden gemeld, met uitzondering van 2024 waarin een toename werd waargenomen.

Bij twee patiënten werd *B. melitensis* vastgesteld. Beide infecties betroffen patiënten met chronische klachten, waarbij de ene infectie mogelijk jaren geleden in Eritrea was opgelopen en de andere mogelijk in Irak. Bij één patiënt werd *B. abortus* serologisch vastgesteld op basis van een nabepaling. De infectie werd mogelijk in het voorgaande jaar in Spanje opgelopen via een onbekende bron. Bij drie patiënten bleef de *Brucella*-soort onbekend. Eén van hen liep de infectie mogelijk op in Italië via voedselconsumptie, een tweede patiënt mogelijk via consumptie van dromedarisvlees in Tunesië, en bij de derde patiënt werd de infectie vermoedelijk in Nederland via een onbekende bron opgelopen.

In totaal werden vier van de zes patiënten opgenomen in het ziekenhuis.

### 9.2.4 *Tabellen en figuren*

Tabel 9.2.1 Aantal gemelde humane patiënten geïnfecteerd met *Brucella* spp 2021-2025

Jaar	2021	2022	2023	2024	2025
<b>Totaal</b>	<b>2</b>	<b>6</b>	<b>4</b>	<b>14</b>	<b>6</b>
<i>B. melitensis</i>	1	4	2	10	2
<i>B. abortus</i>	0	0	0	1	1
<i>B. canis</i>	1	0	0	0	0
<i>B. intermedium</i>	0	0	0	1	0
Onbekend	0	2	2	2	3
Opgelopen in Turkije/Irak	0/0	1/0	3/0	2/3	0/1

## 9.3 **Cryptosporidiose**



### 9.3.1 *Hoofdpunten*

- In 2025 werd er vanuit twee rapporterende Medische Microbiologische Laboratoria 130 meldingen van cryptosporidiose ontvangen. Van 80 patiënten is een monster ingestuurd naar het RIVM voor typering, waarvan het merendeel van de getypeerde monsters (88%) *C. parvum* was. Het aantal cryptosporidiose meldingen is vergelijkbaar 2024 en andere voorgaande jaren,

met uitzondering van de 2023 verheffing en 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 geïnfekteerde personen of dieren, of inname van besmet water of voedsel. *Cryptosporidium* oöcyten kunnen maanden overleven in een vochtige bodem of water. Het meest voorkomende symptoom is waterige diarree, maar buikpijn, koorts, misselijkheid en uitdroging komen ook voor.

### 9.3.3 *Epidemiologische situatie*

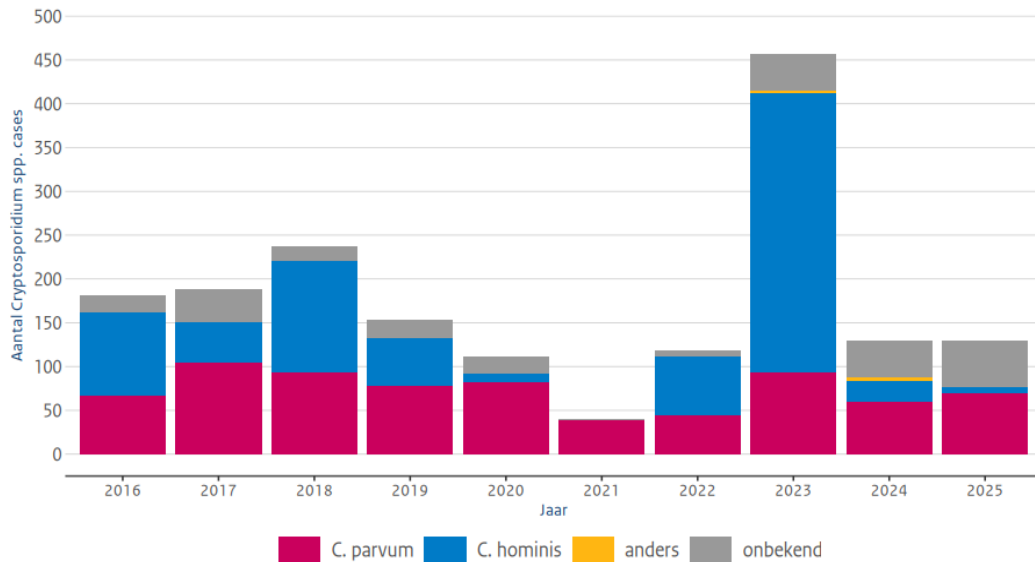
In 2025 werden 130 meldingen van cryptosporidiose ontvangen, waarvan 80 monsters van patiënten zijn ingestuurd. Om te kunnen vergelijken met voorgaande jaren wordt alleen de data meegenomen van de in 2025 insturende laboratoria. Het aantal patiënten in 2025 was vergelijkbaar met 2024 (129 patiënten) en eerdere jaren zoals 2020 (112 patiënten) en 2021 (119 patiënten) (Figuur 9.3.1). Gedurende de COVID-19-pandemie periode in 2021 werden er slechts 40 patiënten gemeld. In 2016-2019 waren dit er gemiddeld 190 (spreiding: 153-237), wat hoger was dan in 2025. De meeste cryptosporidiose meldingen werden ontvangen in juli t/m september, wat een maand eerder is dan gebruikelijk. Van de 80 patiënten in 2025 van wie het geslacht bekend was, betrof het 48 mannen (60%) en 32 vrouwen (40%), met een mediane leeftijd van 31 jaar (spreiding: 1-87 jaar).

In 2025 hadden 70 patiënten (88%) een infectie met *C. parvum*, zes patiënten (8%) en is de species voor vier patiënt onbekend. In contrast tot voorgaande jaren is het aantal *C. hominis* in 2025 erg laag. Aangezien *C. parvum* infecties doorgaans eerder piekt in aantallen dan *C. hominis*, is het laag aantal *C. hominis* infecties waarschijnlijk de oorzaak van het één maand vervroegen van de piek in cryptosporidiose meldingen.

In 2025 zijn er zes *C. hominis* monsters getypeerd, waarbij drie IfA12G1R5 (50%), één IdA14 (17%), één IeA11G3T3 (17%) en één IaA25R3 (17%) zijn gevonden. Sinds 2022 laat genotypering van het gp60-gen van *C. hominis* zien dat er meerdere verschillende gp60-types aanwezig zijn. Voor 2022 domineerden echter één of twee gp60-types.

### 9.3.4 Tabellen en figuren

Figuur 9.3.1 Aantal gemelde cryptosporidiose patiënten per jaar, 2016-2025.



## 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.
- In 2025 zijn 18 humane patiëntmonsters ingestuurd met de vraagstelling antistoffen tegen *Trichinella*. Deze testten allemaal negatief.

### 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. Na opname van de larven door consumptie van rauw of onvoldoende verhit vlees (meestal varkensvlees, paardenvlees of vlees van wilde zwijnen), 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. Overigens zijn er ook soorten die geen kapsel vormen in de spieren (*T. pseudospiralis*, *T. papuae* en *T. zimbabwensis*). Van de ongekapselde *Trichinella*-soorten, kent *T. pseudospiralis* een wereldwijde verspreiding en is ook in Nederland aangetoond in een wild zwijn. 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.

#### 9.4.3 *Epidemiologische situatie*

De diagnostiek van *Trichinella* berust vooral op serologie. De serologie wordt in Nederland alleen uitgevoerd door het RIVM. De sera worden getest in een immunoblot. Bij bijzondere resultaten wordt overlegd met het referentiecentrum in Rome (EU Reference Laboratory for Parasites, ISS). In 2025 zijn sera van 18 patiënten getest, deze sera testten allemaal negatief. In de afgelopen 10 jaar (2016-2025) werd in Nederland slechts één patiënt met trichinellose gemeld. Dit was in 2022 en deze patiënt had eosinofilie en oedeem in het oog, waarbij *Trichinella* antistoffen konden worden aangetoond. De besmetting heeft waarschijnlijk plaatsgevonden in Eritrea, de mogelijke bron is onbekend. In de afgelopen jaren zijn uitbraken van trichinellose in Europa gerapporteerd, vaak gerelateerd aan consumptie van wild zwijnenvlees, zoals in Frankrijk, Italië en België [39-44].

## 9.5 **Yersiniose**



### 9.5.1 *Hoofdpunten*

- In 2025 werden in ISIS-AR 277 yersiniose patiënten gemeld, voornamelijk *Yersinia enterocolitica*. Dat is minder dan in 2024 (n=329), maar meer dan vóór de COVID-19-pandemie.
- In 2025 werden via de kiemsurveillance isolaten van 205 yersiniose patiënten gesequenced, met name *Y. enterocolitica*. Het meest opvallend was een cluster van 18 patiënten.

### 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.

### 9.5.3 *Epidemiologische situatie*

In 2025 waren er 277 yersiniose patiënten gemeld in ISIS-AR. Dat is minder dan in 2024 (n=329), maar hoger dan in 2017-2019 vóór de COVID-19-pandemie (gemiddeld 184, spreiding: 155-215) (Figuur 9.5.2.). In 2025 betrof 90% *Y. enterocolitica*, 3% *Y. pseudotuberculosis*, 1% *Y. Frederiksenii*, 3% overige species en 3% was niet verder getypeerd.

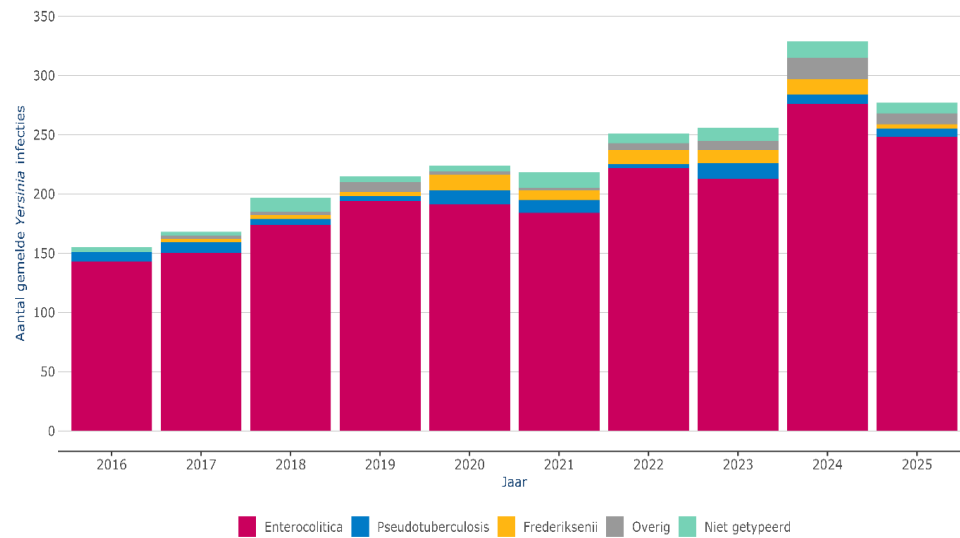
In 2025 zijn er isolaten van in totaal 205 patiënten ontvangen en gesequenced bij het RIVM. Dit is vrijwel gelijk aan het aantal in 2023 en 2024, met isolaten van respectievelijk 196 en 199 patiënten. In 2022, toen de kiemsurveillance in de loop van het jaar werd opgestart, werden isolaten van 110 patiënten ontvangen. Van de patiënten in 2025 waren er 96 man (47%) en 109 vrouw (53%). Het overgrote deel van de

isolaten betrof het species *Y. enterocolitica* (n=158, 77%). Twintig isolaten (10%) betrof andere *Yersinia* species en van 27 isolaten (13%) kon het species niet bepaald worden.

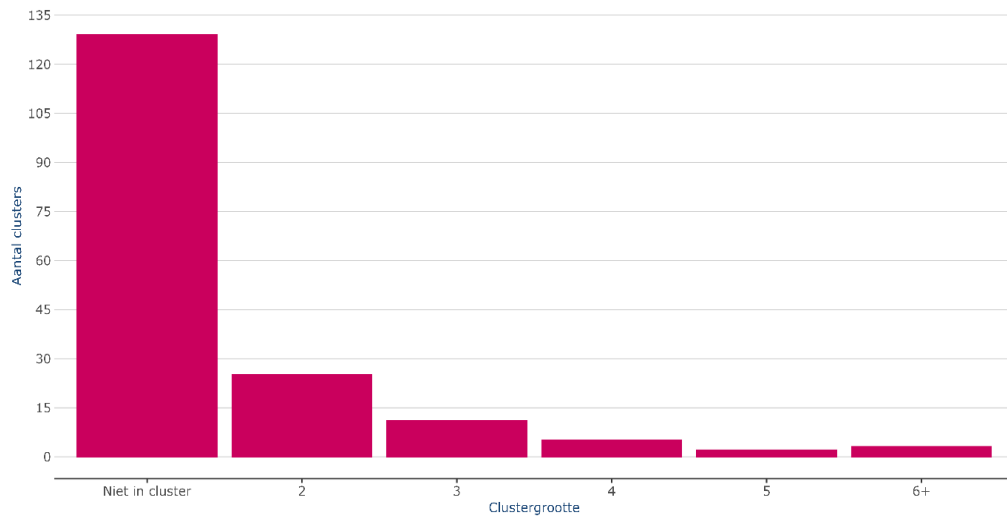
Bij 76 patiënten (37%) in 2025 clusterde het isolaat met ten minste één isolaat van een andere patiënten. Dit kunnen isolaten zijn uit 2025 of uit voorgaande jaren. In totaal zijn er 46 clusters gerapporteerd in 2025, waarvan 25 met twee patiënten, 11 met drie patiënten, vijf met vier patiënten, twee met zes patiënten en één met 18 patiënten. Het grootste cluster met 18 patiënten werd voor het eerst gezien in 2022 (n=2) en 2023 (n=1), maar vooral in 2025 (n=15), met name in de periode juni-augustus.

#### 9.5.4 Tabellen en figuren

Figuur 9.5.1 Aantallen humane gevallen van infecties met *Yersinia* spp. op basis van ISIS-AR, 2016-2025



*Figuur 9.5.2 Clusters waar yersiniose patiënten in 2025 deel van uitmaken. De clustergrootte wordt bepaald op basis van het totaal aantal patiënten in een cluster in periode 2022-2025*



## 10 Andere enterale infecties

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

#### 10.1.1 Hoofdpunten

- In 2025 werden 25 personen met buiktyfus gemeld. Dit aantal is weer vergelijkbaar met 2023 en de pre-pandemische periode (2016–2019), na een tijdelijke stijging naar 46 gevallen in 2024.
- In 2025 werden respectievelijk 11, 22 en vier personen met paratyfus A, B en C gemeld. Voor paratyfus A en C was dit vergelijkbaar met voorgaande jaren. Het aantal meldingen van paratyfus B was iets lager dan in de afgelopen jaren, met uitzondering van de COVID-19-pandemiejaren.
- 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*. 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. 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. Vroege symptomen van tyfeuze ziekte zijn onder andere koorts, hoofdpijn, spierpijn en buikpijn, maar zowel diarree als obstipatie komen voor. 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 [45].

#### 10.1.3 Epidemiologische situatie

##### Buiktyfus

In 2025 werden 25 personen met buiktyfus gemeld. Dit aantal vergelijkbaar met 2023 en de pre-pandemische periode (2016–2019), waarin jaarlijks 18 tot 28 meldingen werden gedaan (Figuur 10.1.1). Een jaar geleden, in 2024, werd nog een lichte toename gesignaleerd, met 46 gevallen. Tijdens de COVID-19-pandemie (2020-2021) lag het aantal meldingen 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 25 personen met buiktyfus hadden 23 personen (92%) de infectie in het buitenland opgelopen. Dit percentage komt overeen met de percentages van de voorgaande jaren: 89 procent in 2023 en 93

procent in 2024. Azië was het werelddeel waarin in de afgelopen vijf jaar (2021-2025) de meeste mensen de infectie opliepen (50-92%) (Tabel 10.1.1). Na Azië, werden Midden-Amerika (8-42%), Afrika (0-14%), Zuid-Amerika (0-13%) en Europa (0-5%) genoemd als werelddeel van besmetting. Op landniveau werden in 2025 India (n=8), Indonesië (n=4), Pakistan (n=3), en Peru (n=2) het vaakst gerapporteerd. Twee infecties werden vermoedelijk in Nederland opgelopen, waarbij geen duidelijke of gemeenschappelijke bron werd gevonden.

#### *Paratyfus A*

In 2025 werden 11 personen met paratyfus A gemeld. Dit aantal is vergelijkbaar met de perioden 2022-2024 en 2016-2019, waarin jaarlijks 7-18 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 11 meldingen behoorde tot een cluster.

In de afgelopen vijf jaar (2021-2025) werden ongeveer evenveel mannen (n=26) als vrouwen (n=23) 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 (90%-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 (22/47). De buitenlandse besmettingen in Azië in 2025 waren opgelopen in India (n=7), Pakistan (n=1), Indonesië (n=1) en Turkije (n=1).

#### *Paratyfus B*

In 2025 werden 22 personen met paratyfus B gemeld. Dit aantal is iets lager dan in de perioden 2022-2024 en 2016-2019, waarin jaarlijks 26-35 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 (2021-2025) werden meer mannen (n=73) dan vrouwen (n=53) 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 jaren 2022-2025 was dit bij het grootste deel van de meldingen het geval (62-100%). Alleen in 2021, tijdens de COVID-19-pandemie, lag het aandeel importinfecties beduidend lager (43%), vermoedelijk door de sterk verminderde internationale reismogelijkheden. 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 (10-50%) een rol te spelen. Azië is het meest genoemde continent met 50-78% van de infecties, maar ook Zuid-Amerika (11-39%), Afrika (0-21%) en Europa (0-17%) worden genoemd. De in 2025 gemelde buitenlandse besmettingen waren

opgelopen in Indonesië (n=8), Irak (n=4), Eritrea (n=2), Bolivia (n=1), Colombia (n=1), Maleisië (n=1) en Thailand (n=1).

### *Paratyfus C*

Paratyfus C is van de vier typhoidale ziekten veruit het minst voorkomend en wordt slechts zelden gemeld. In 2025 waren er vier meldingen, ten opzichte van 0-5 meldingen per jaar in het afgelopen decennium (2016-2024) (Figuur 10.1.1). In de afgelopen vijf jaar (2021-2025) waren de patiënten voornamelijk in de leeftijd 18-39 jaar en werd één van de acht patiënten in het ziekenhuis opgenomen (Tabel 10.1.4). Vijf van de acht 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). In 2025 werden alle drie de buitenlandse besmettingen in Afrika opgelopen, namelijk in Malawi, Egypte en Kaapverdië. Eén besmetting werd in Nederland opgelopen. Bij deze melding werd contact met vluchtelingen uit Kenia als mogelijke blootstelling genoemd.

#### 10.1.4 Tabellen en figuren

Tabel 10.1.1 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met buiktyfus, 2021-2025

	<b>2021</b>	<b>2022</b>	<b>2023</b>	<b>2024</b>	<b>2025</b>
<b>Totaal</b>	<b>14</b>	<b>96</b>	<b>28</b>	<b>46</b>	<b>25</b>
Man	11 (79%)	83 (86%)	17 (61%)	27 (59%)	15 (60%)
Leeftijd, mediaan (spreiding)	33 (9-57)	30 (2-70)	30 (0-77)	27 (3-56)	28 (1-70)
Ziekenhuisopname	10 (71%)	43 (45%)	18 (64%)	31 (74%)	16 (64%)
Overleden	0	0	0	0	0
Uitbraak	0	72 (75%)	0	0	0
Buitenland	12 (86%)‡	22 (92%)*	25 (89%)††	43 (93%)‡‡	23 (92%)‡
Familiebezoek†	5 (42%)	12 (55%)	17 (68%)	27 (63%)	15 (65%)
Afrika	0	3 (14%)	0	4 (9%)	2 (9%)
Azië	7 (58%)	11 (50%)	23 (92%)	33 (77%)	16 (70%)
Midden-Amerika	5 (42%)	7 (32%)	2 (8%)	5 (12%)	2 (9%)
Zuid-Amerika	0	0	0	1 (2%)	3 (13%)
Europa	0	1 (5%)	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, 2021-2025

	2021	2022	2023	2024	2025
<b>Totaal</b>	<b>3</b>	<b>7</b>	<b>18</b>	<b>10</b>	<b>11</b>
Man	2 (67%)	5 (71%)	8 (44%)	5 (50%)	6 (55%)
Leeftijd, mediaan (spreiding)	34 (11-40)	41 (26-57)	20 (1-71)	25 (4-66)	19 (3-70)
Ziekenhuisopname	2 (67%)	3 (43%)	10 (56%)	4 (40%)	7 (64%)
Overleden	0	0	0	0	0
Buitenland	3 (100%)	7 (100%)	18 (100%)	9 (90%)	10 (91%)
Familiebezoek†	0	3 (43%)	6 (33%)	6 (67%)	5 (50%)
Afrika	1 (33%)	0	3 (17%)	0	0
Azië	2 (67%)	7 (100%)	15 (83%)	9 (100%)	10 (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, 2021-2025

	2021	2022	2023	2024	2025
<b>Totaal</b>	<b>14</b>	<b>26</b>	<b>35</b>	<b>29</b>	<b>22</b>
Man	12 (86%)	15 (58%)	18 (51%)	17 (59%)	11 (50%)
Leeftijd, mediaan (spreiding)	26 (4-89)	25 (0-88)	26 (1-72)	23 (1-55)	30 (11-74)
Ziekenhuisopname	4 (29%)	8 (31%)	11 (31%)*	13 (45%)	9 (41%)*
Overleden	0	0	0	0	0
Buitenland	6 (43%)	16 (62%)	31 (89%)	29 (100%)	18 (82%)‡
Familiebezoek†	3 (50%)	2 (13%)	3 (10%)	9 (31%)	6 (33%)
Afrika	1 (17%)	1 (6%)	0	6 (21%)	2 (11%)
Azië	3 (50%)	10 (63%)	17 (55%)	19 (66%)	14 (78%)
Europa	1 (17%)	1 (6%)	2 (6%)	0	0
Zuid-Amerika	1 (17%)	4 (25%)	12 (39%)	4 (14%)	2 (11%)

\* Bij één melding was ziekenhuisopname onbekend.

‡ Van de overige vier meldingen waren er twee mogelijk in Nederland en twee onbekend.

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

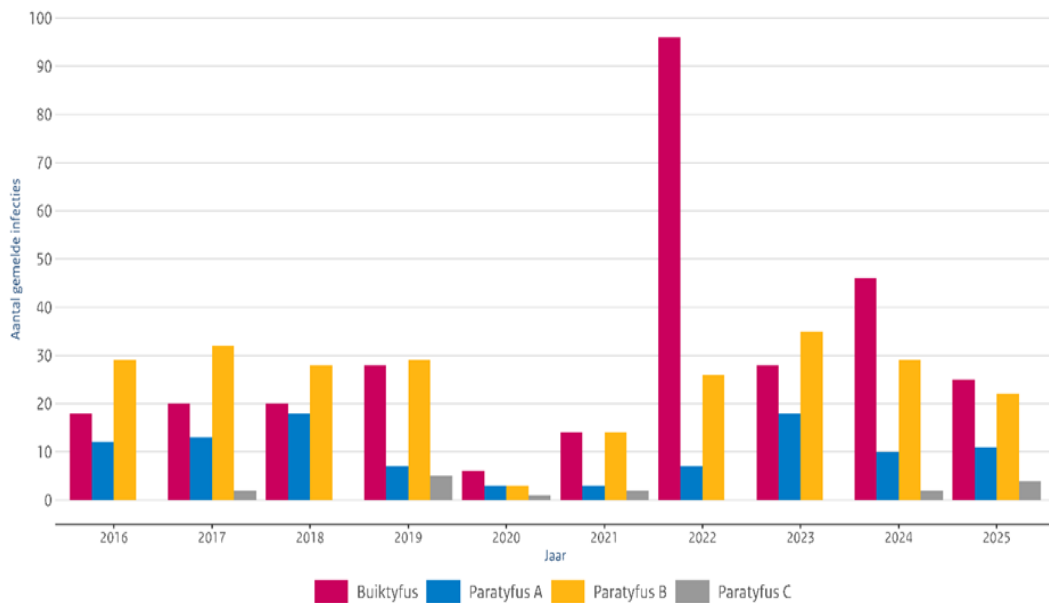
Tabel 10.1.4 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met paratyfus C, 2021-2025

	2021	2022	2023	2024	2025
<b>Totaal</b>	<b>2*</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>2</b>	<b>4</b>
Man	1			1	1
Leeftijd					
0-17 jaar	1			1	0
18-39 jaar	1			1	1
40-64 jaar	0			0	2
65+	0			0	1
Ziekenhuisopname	0			1	0
Overleden	0			0	0
Buitenland	0			2	3
Familiebezoek†				0	0
Afrika				0	3
Azië				1	0
Europa				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, 2016-2025



## 10.2

### Cholera

#### 10.2.1

##### Hoofdpunten

- In 2025 zijn er drie personen met cholera gemeld. Twee infecties werden vermoedelijk in het buitenland opgelopen, en één infectie was waarschijnlijk gerelateerd aan in Nederland geconsumeerde producten afkomstig uit het buitenland.
- In de afgelopen tien jaar (2016-2025) werden in totaal veertien personen met cholera gemeld (0-3 per jaar). De vermoedelijke



herkomst van de infecties was gelijk verdeeld tussen Afrika (n=7) en Azië (n=7).

### 10.2.2 *Achtergrond*

*Vibrio cholerae*, de verwekker van cholera, komt wereldwijd voor in oppervlaktewater, vooral in brak water [46]. De bacterie hecht zich aan plankton, waarin die kan overleven en zich kan vermenigvuldigen. Schaaldieren en plankton vormen het reservoir van *V. cholerae*. Besmetting treedt voornamelijk op via consumptie van met feces besmet water of voedsel of direct via de fecaal-orale route. Wanneer de bacteriën levend de darm weten te bereiken, vindt sterke vermeerdering van het aantal cholerabacteriën plaats, inclusief productie van choleratoxine. 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. Het meest kenmerkend van die vorm van diarree is de grote hoeveelheid 'rijstwaterachtige' ontlasting, die in zeer korte tijd kan leiden tot ernstige uitdroging.

### 10.2.3 *Epidemiologische situatie*

In 2025 werden drie gevallen van cholera gemeld (Tabel 10.2.1). In de afgelopen tien jaar (2016-2025) zijn in totaal 14 personen met cholera gemeld. De infectie werd in al deze gevallen in het buitenland opgelopen of was gerelateerd aan consumptie van uit het buitenland afkomstige voedingsmiddelen, met een gelijke verdeling tussen landen in Afrika (n=7) en Azië (n=7) (zie Figuur 10.2.1). Van de in 2025 gemelde infecties werden er twee opgelopen in India en Indonesië of Maleisië, waarbij de infectiebron niet kon worden vastgesteld. Bij het derde geval, gerelateerd aan Ethiopië, vond de vermoedelijke blootstelling plaats in Nederland, waarschijnlijk via producten die recent uit Ethiopië naar Nederland waren meegenomen.

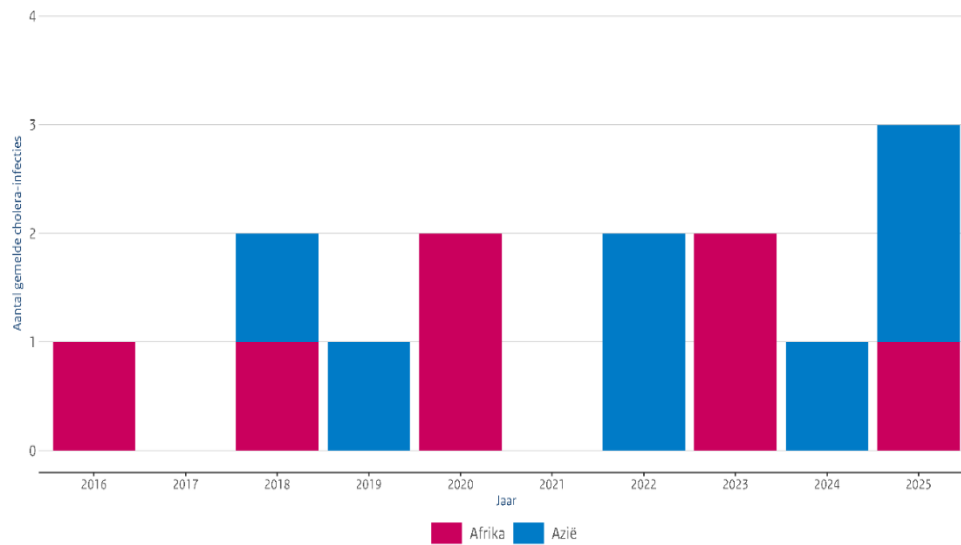
Cholera wordt in Nederland slechts sporadisch gemeld, en komt in Nederland vrijwel uitsluitend voor als importziekte. De meldingen in de afgelopen tien jaar laten een gelijke verdeling zien tussen Afrikaanse en Aziatische landen. Voorlichting aan reizigers en zorgverleners blijft belangrijk, gezien de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

## 10.2.4 Tabellen en figuren

Tabel 10.2.1 Aantal meldingen en karakteristieken van patiënten met cholera, 2021-2025

	2021	2022	2023	2024	2025
<b>Totaal</b>	<b>0</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>3</b>
Man		2	1	0	2
Leeftijd					
0-17 jaar		0	1	0	0
18-39 jaar		0	1	0	0
40-64 jaar		1	0	1	3
65+		1	0	0	0
Ziekenhuisopname		2	1	1	3
Overleden		0	0	0	0
Buitenland		2	2	1	3
Afrika		0	2	0	1
Azië		2	0	1	2

Figuur 10.2.1 Aantal gerapporteerde patiënten met cholera en de regio van infectie, 2016-2025





## 11 Andere virussen, gemeld in de Virologische Weekstaten



### 11.1 Hoofdpunten

- In 2025 werden 781 rotavirus infecties gemeld. Dit is lager dan in 2023 (n=959) en 2024 (n=921), waarschijnlijk als gevolg van de invoering van rotavirus vaccinatie in 2024.
- In epidemiologisch jaar juli 2024 t/m juni 2025 werden 5.420 norovirus-infecties gemeld. Dit is hoger dan in het voorgaande jaar, toen ook al een sterke stijging werd gezien ten opzichte van de vijf jaren vóór 2019/2020. Deze toename is mogelijk te verklaren door een verandering in het circulerend genotype.
- In 2025 werden in totaal 173 Hepatitis E-virus (HEV) -infecties gemeld, wat hoger was dan 2023 en in lijn met 2022.

### 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 verspreidt zich voornamelijk fecaal-oraal, maar ook indirect via bijvoorbeeld oppervlakken. Rotavirusvaccinatie is voor kinderen die vanaf januari 2024 zijn geboren opgenomen in het Rijksvaccinatieprogramma.

In 2025 werden 781 rotavirus infecties gemeld. Dit is lager dan in 2023 en 2024, toen respectievelijk 959 en 921 rotavirus infecties gemeld. Deze afname is waarschijnlijk het gevolg van de introductie van rotavirus vaccinatie in 2024. Het aantal rotavirus infecties in 2022 (n=1391) was waarschijnlijk hoger door een toename van het aantal kinderen dat gevoelig was voor rotavirus-infectie door het uitblijven van een rotavirus-seizoen gedurende de COVID-19-pandemie.

Het aantal ziekenhuisopnames voor rotavirus bij kinderen tot en met 4 jaar 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 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. In 2025 werden er 1939 ziekenhuisopnames door rotavirus geschat bij kinderen tot en met 4 jaar, ten opzichte van respectievelijk 2381 en 2287 in 2023 en 2024. Het aantal opnames onder kinderen jonger dan vijf jaar was 18 procent lager dan het aantal opnames in 2017-2019, toen gemiddeld 3450 ziekenhuisopnames door rotavirus (spreiding 3177 – 3598) werden geschat.

### 11.3 **Norovirus**

De meest voorkomende klachten van norovirus zijn misselijkheid, braken, hoofdpijn, buikpijn, diarree en milde koorts. Klachten beginnen meestal acuut en verdwijnen vaak na twee tot drie dagen bij volwassenen en na ongeveer een week bij kinderen. Norovirus verspreidt zich voornamelijk fecaal-oraal, maar ook indirect via bijvoorbeeld oppervlakken en voedsel.

Omdat het norovirus-seizoen zich voornamelijk afspeelt in de winter, wordt voor norovirus een epidemiologisch jaar gehanteerd dat is gedefinieerd als juli 2024 t/m juni 2025. In epidemiologisch jaar 2024/2025 werden 5420 norovirus-infecties gemeld (zie Figuur 11.2), wat het hoogste aantal meldingen is in 10 jaar en 77 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. Ook in epidemiologisch jaar 2023/2024 werd een stijging gezien (n=4291) die mogelijk toe te schrijven was aan een verandering in het meest circulerende genotype vanaf het voorjaar van 2024. Hierdoor hadden mensen mogelijk minder immuniteit tegen dit voorheen minder voorkomende genotype. In het 2024/2025 norovirus seizoen was het gebruikelijke genotype GII.4 echter weer dominant.

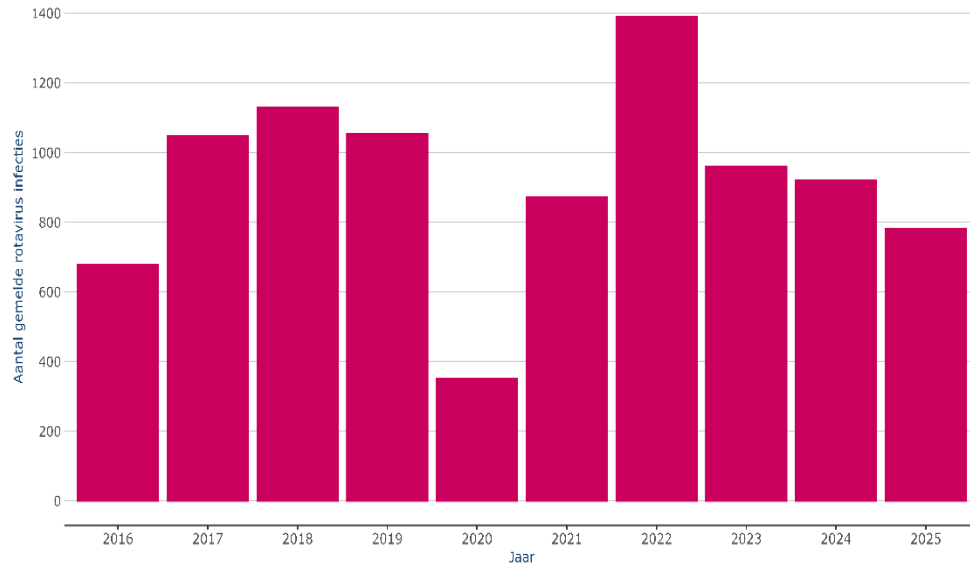
### 11.4 **Hepatitis E-virus**

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. Immuuungecompromitteerde patiënten, zoals transplantatiepatiënten, hebben een risico op het ontwikkelen van een chronische hepatitis en levercirrose. In Europa zijn varkens het belangrijkste reservoir van HEV.

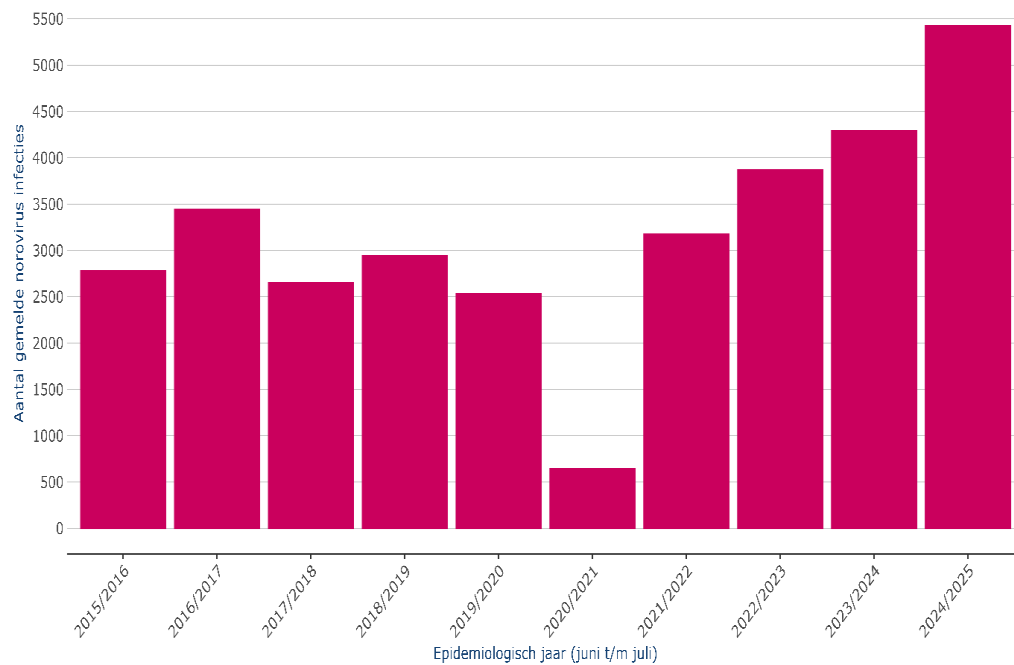
In 2015 en 2016 is er een piek geweest in het aantal HEV-infecties, waarna een langjarige daling is ingezet (zie Figuur 11.3). De redenen voor deze trend zijn niet duidelijk. In 2023 werd voor het eerst sinds 2018 een toename in het aantal HEV-infecties waargenomen. In 2024 werd echter weer een daling gezien met in totaal 102 HEV-infecties gemeld. Het aantal HEV-infecties in 2025 was echter weer hoger met in totaal 173 meldingen.

## 11.5 Tabellen en figuren

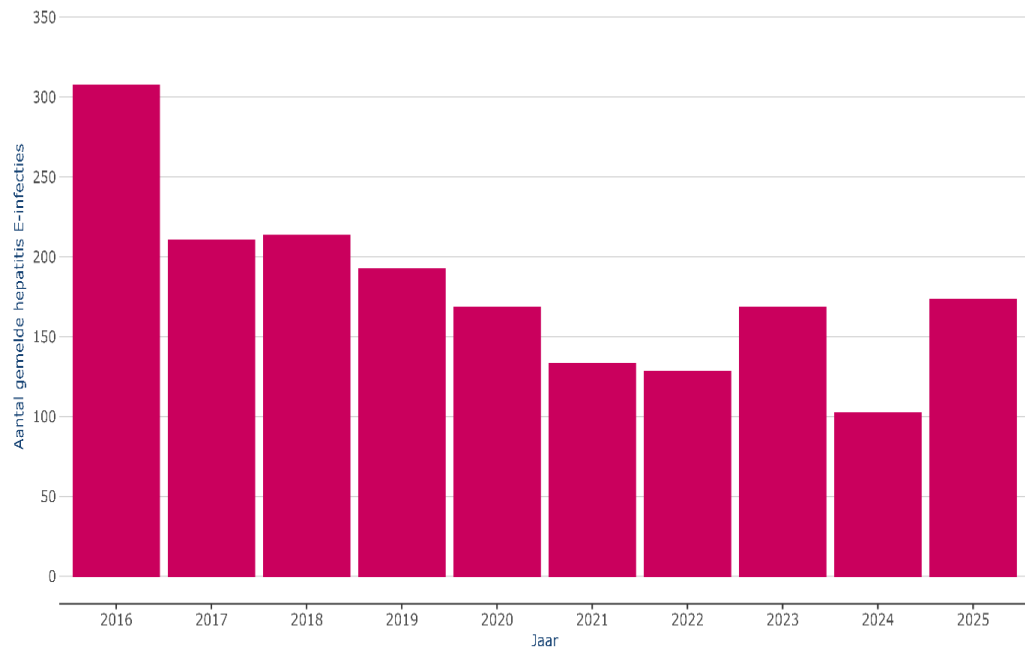
*Figuur 11.1 Aantal gemelde rotavirus-infecties in de Virologische Weekstaten naar jaar, 2016-2025*



*Figuur 11.2 Aantal gemelde norovirus-infecties in de Virologische Weekstaten naar epidemiologisch jaar (juli t/m juni), juli 2025-juni 2025*



*Figuur 11.3 Aantal gemelde hepatitis E (HEV)-infecties in de Virologische Weekstaten per jaar, 2016-2025*



## Resultaten Sectie 2



## 12 Voedselgerelateerde uitbraken

### 12.1 Hoofdpunten

- Het totaal aantal gemelde uitbraken was in 2025 (n=1.142), na een daling in 2023, vergelijkbaar met 2022 en 2024 (1.173-1.179 uitbraken). Het aantal daarbij behorende ziektegevallen bij NVWA en GGD (4.279 zieken) is daarbij wel lager dan in 2022 (4.505 zieken) en 2024 (5.405 zieken).
- In 31 uitbraken (2,6%) was een ziekteverwekker bekend, met als meest gemeld *Salmonella* (10 uitbraken + een uitbraak met sapovirus) en norovirus (7 uitbraken), gevolgd door *Campylobacter* (4 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 [1]. Globalisering van de voedselindustrie van zowel grondstoffen als levensmiddelen, en de toegenomen consumptie van 'exotische' producten leiden ertoe dat voedselproducten ook worden geïmporteerd uit landen met een lagere hygiënestandaard [2]. Surveillance van voedselgerelateerde uitbraken en specifiek uitbraakonderzoek tijdens een uitbraak geven inzicht in de oorzaken van ziekte, mogelijk betrokken voedselproducten en de mogelijke setting van de besmetting [8-10]. 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. Zo verschilt het onderzoek naar de besmette voedselbron gegeten door patiënten in bijvoorbeeld hetzelfde restaurant, van het onderzoek naar de bron voor patiënten die geïnfecteerd zijn met een genetische gelijkende ziekteverwekker, maar verder ongerelateerd zijn aan elkaar [11, 12]. 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 [13, 14].

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

In 2025 registreerde de NVWA 4.107 meldingen van burgers en/of GGD'en waarbij een of meerdere personen ziek zouden zijn geworden door het eten van een bepaald levensmiddel, waaronder 1.676

anonieme meldingen. In 1.129 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 4.218 ziektegevallen (Bijlage 1, Tabel B1.3).

In 2025 werden 21 voedselgerelateerde uitbraken met 252 ziektegevallen gemeld bij het RIVM-CIb (Bijlage 1, Tabel B1.4). Zeven van de 21 meldingen betroffen een bovenregionale/landelijke uitbraak en twee betroffen een Nederlandse patiënt gerelateerd aan een uitbraak in het buitenland.

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 acht keer het geval. Er werden in totaal 1.142 unieke voedselgerelateerde uitbraken met 4.279 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 (85%), gevolgd door uitbraken met vijf tot en met negen ziektegevallen (11%). Er waren in totaal twaalf (1,1%) grote uitbraken, met 25 of meer ziektegevallen. De verdeling in grootte van de uitbraken is relatief stabiel over de jaren (Bijlage 1, Tabel B1.2).

Er is tijdens onderzoek naar uitbraken regelmatig contact tussen GGD en NVWA, waarbij relevante informatie wordt uitgewisseld. Dit resulteerde in 2025 in acht uitbraken die gezamenlijk door beide instanties zijn onderzocht en geregistreerd; in totaal was er in elk geval bij 18 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 (12/1.116) van de uitbraken contact. Bij de grotere uitbraken was er in 21 procent (5/24) van de gevallen contact. Daarnaast was in 45 procent (14/31) van de uitbraken met een aangetoonde verwekker (patiënt/voedsel/omgeving) contact, terwijl dit bij uitbraken zonder aangetoonde verwekker slechts 0,4 procent (4/1.111) was. Als de NVWA monsters nam, was de kans ook groter dat er contact was (5%) 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 *Voedsel- en omgevingsonderzoek NVWA*

Bij 751 (67%) van de 1.129 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 374 meldingen werd geen inspectie uitgevoerd, waarvan 248 keer omdat het betreffende bedrijf binnen een standaard inspectie-procedure (formule) viel. Bij vier meldingen was onbekend of

er een inspectie was uitgevoerd. Bij 15 procent van de meldingen met vervolgonderzoek was er ook sprake van monsternames, waarbij zeven van de 113 uitbraken met monsternames (6%) een positief resultaat voor een ziekteverwekker opleverde. Dit betrof in alle gevallen een of meer virus positieve veegdoekjes van de voedselbereidingsomgeving. In het afgelopen jaar werd daarmee iets minder vaak een inspectie gedaan, iets vaker een monsternames en een iets lager percentage positieve monsternames ten opzichte van 2021-2024 (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 specifieke eisen voor voedselveiligheid. Voorbeelden hiervan zijn: niet-handelen volgens de geldende HACCP (Hazard Analysis of Critical Control Points), 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 (598/751; 80%). Bij 32 bedrijven (4%) werden wel afwijkingen genoteerd, maar waren deze niet aan de melding gerelateerd. De inspecteur oordeelde 87 keer (12%) dat de melding gegrond was en bij 34 meldingen was de uitkomst van de inspectie onbekend.

Bij 70 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 53 meldingen als oorzaak genoemd. Fouten in het bereidingsproces werden in 67 meldingen (96%) door de inspecteur benoemd, waarbij in 50 meldingen (71%) beide oorzaken genoemd werden.

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 72 (10%) meldingen waarbij een inspectie plaatsvond. In de meeste gevallen werd alleen een SW opgemaakt (bij 6% van de inspecties), gevolgd door beide maatregelen (3%) of een RvB (2%). Als beoordeeld was dat de melding gegrond was, leidde dit in 68/87 (78%) van de gevallen tot het opleggen van een maatregel ten opzichte van 4/32 (13%) bij niet-gerelateerde afwijkingen.

### 12.3.3 *Ziekteverwekkers*

Bij 31/1.142 (2,7%) 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.

*Salmonella*-uitbraken werden het vaakst gemeld met tien uitbraken en 161 gerapporteerde ziektegevallen plus een uitbraak waarbij ook sapovirus werd gediagnosticeerd (3 ziektegevallen). Binnen vier uitbraken werd een incubatietijd vermeld, die mediaan 25 uur betrof. De

duur van de ziekte werd gemeld bij vijf uitbraken en was mediaan 7 dagen. Bij in ieder geval vijf uitbraken zijn er patiënten in het ziekenhuis opgenomen (bekend voor negen uitbraken). Vijf van de elf uitbraken zijn via de kiemsurveillance *Salmonella* opgemerkt, waaronder drie bovenregionale/nationale uitbraken. In alle uitbraken werd *Salmonella* alleen bij de zieken aangetoond. Het betrof hierbij drie keer een *Salmonella* Enteritidis-uitbraak (123 ziektegevallen), vier keer een *S. Typhimurium*-uitbraak (29 ziektegevallen) en vier keer een *Salmonella*-uitbraak waarbij verder geen serovar bekend was (inclusief de uitbraak waarbij ook sapovirus werd gevonden).

Norovirus was in zeven gemelde uitbraken (235 gerapporteerde zieken) de oorzaak. De mediane gemelde incubatietijd bij deze uitbraken was 30 uur. Bij in totaal twee uitbraken werd verder nog een ziekte duur van een tot drie dagen vermeld. Een van de gerapporteerde zieken is overleden. In zes uitbraken werd norovirus aangetoond in de omgeving (horecakeuken, toiletten) middels veegdoekjes. In drie uitbraken werd norovirus bij patiënten gevonden. Genotype GII was verantwoordelijk voor vijf uitbraken (205 zieken), genotype GI in een uitbraak (25 zieken) en bij een uitbraak (5 zieken) was geen genotype bekend.

*Campylobacter* komt in de afgelopen jaren, behalve in 2024, 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 2025 werden vier *Campylobacter*-uitbraken met in totaal 13 zieken gemeld: twee door *Campylobacter jejuni* (4 zieken) en twee zonder verdere typering (9 zieken).

In 2025 waren er drie STEC-uitbraken. De grootste uitbraak was een landelijke uitbraak door STEC O157 met 14 patiënten, gedetecteerd via de surveillance. Naast de Nederlandse patiënten waren er ook nog vijf buitenlanders betrokken, waarvan in ieder geval drie de infectie vrijwel zeker in Nederland hadden opgelopen. De bron van de uitbraak is niet gevonden. De tweede uitbraak betreft een Duitse uitbraak, veroorzaakt door STEC O45, waartoe een Nederlandse patiënt behoort. Deze patiënt woont dichtbij de grens en de boodschappen werden voornamelijk in Duitsland gedaan. Een oorzaak voor deze uitbraak is niet gevonden. Van de laatste uitbraak (2 zieken) is geen serotyping bekend, waarbij de betreffende GGD contact had opgenomen met de NVWA voor verder onderzoek. Ook dit aanvullende traceringsonderzoek heeft niet geleid tot het vinden van een bron.

Een van de twee *Listeria*-uitbraken betrof ook een uitbraak in het buitenland. Een Nederlandse patiënt behoort tot een uitbraak in Frankrijk waarbij de bron herleid kon worden naar zachte kazen van een specifieke producent, dit alles op basis van WGS. Epidemiologisch kon de Nederlandse patiënt alleen globaal aan de uitbraak gekoppeld worden via consumptie van allerlei zachte kazen, zonder directe link naar de betreffende zachte kazen. De tweede uitbraak werd ook middels vergelijking van isolaten binnen de surveillance gedetecteerd en betrof twee patiënten die besmet zijn geraakt terwijl ze in het ziekenhuis lagen. Het ging hierbij om twee verschillende locaties van een ziekenhuis en om verschillende afdelingen.

De twee *Shigella sonnei*-uitbraken in 2025 werden via de surveillance gedetecteerd, waarbij het in beide gevallen om reisgerelateerde infecties ging. Zeven personen werden ziek nadat ze op het vliegveld van Dubai waren geweest. Tien personen werden ziek tijdens of na een vakantie in Kaap Verdië, waarbij allen hadden overnacht bij een hotel aangesloten bij een specifieke keten.

Tot slot werd middels veegdoekjes rotavirus aangetoond binnen een uitbraak met tien zieken en werd er bij de NVWA een uitbraak met twee zieken met astrovirus, inclusief een ziekenhuisopname, gemeld.

Naast deze uitbraken in 2025 waren er drie uitbraken die al in de rapportage van 2024 zijn gemeld, maar nog in 2025 doorliepen. Dit betroffen een *Salmonella* Enteritidis-uitbraak gerelateerd aan eieren, een *S. Typhimurium*-uitbraak mogelijk gerelateerd aan gedroogde worst en de hepatitis A-uitbraak gerelateerd aan diepvries blauwe bessen. Aangezien deze uitbraken in 2024 zijn gestart, tellen ze in dat jaar mee, en zijn de patiënten in 2025 gerelateerd aan deze uitbraken in de tabellen toegevoegd aan het aantal in 2024.

#### 12.3.4 *Setting*

De genoemde bereidingsplaatsen van het verdachte voedsel waren voornamelijk restaurants (63%), thuis-/privé-situaties (12%) en cafetaria/fast-food/afhaal (10%) (zie Tabel 12.3). In 72 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 thuis-/privé-situaties werd het betreffende voedsel vrijwel altijd ook daar geconsumeerd.

## 12.4 Tabellen en figuren

Tabel 12.1 Aantal meldingen bij de NVWA met onderverdeling naar uitgevoerde inspectie en monstername, 2021-2025

	2021	2022	2023	2024	2025
NVWA-meldingen	833	1168	899	1.171	1.129
Uitgevoerde inspecties	595 (71%)	818 (70%)	645 (72%)	843 (72%)	751 (67%)
Inspecties met monstername	77 (13%)	102 (12%)	77 (12%)	104 (12%)	113 (15%)
Positieve monsternames	10 (13%)	11 (11%)	8 (10%)	16 (15%)	6 (5%)

Tabel 12.2 Uitbraken van voedselgerelateerde infecties en vergiftigingen en gerelateerde ziektegevallen naar gedetecteerde ziekteverwekker in voedsel en/of patiënten, NVWA/GGD/RIVM-CIb, 2025

Ziekteverwekker	Totaal		Ziekteverwekker aangetoond	
	uitbraken n (%)	zieken n (%)	voedsel*	humaan
			uitbraken n (%)	uitbraken n (%)
<i>Campylobacter</i> spp	4 (0,3)	13 (0,2)	-	4 (0,3)
<i>Listeria monocytogenes</i>	2 (0,2)	3 (0,1)	1 (0,1)	2 (0,2)
<i>Salmonella</i> spp.	10 (0,8)	161 (3,0)	-	10 (0,8)
<i>Shigella</i> spp.	2 (0,2)	17 (0,3)	-	2 (0,2)
STEC	3 (0,3)	17 (0,3)	-	3 (0,3)
Astrovirus	1 (0,1)	2 (0,1)	-	1 (0,1)
Norovirus**	7 (0,6)	235 (4,4)	6 (0,5)	3 (0,3)
Rotavirus	1 (0,1)	10 (0,2)	1 (0,1)	-
<i>Salmonella</i> + sapovirus	1 (0,1)	3 (0,1)	-	1 (0,1)
<b>Totaal bekend</b>	<b>30 (2,6)</b>	<b>451 (10,5)</b>	<b>7 (0,6)</b>	<b>26 (2,3)</b>
<i>Onbekend/niet onderzocht</i>	<i>1.111 (97,3)</i>	<i>3.818 (89,2)</i>	<i>1.134 (99,3)</i>	<i>1.116 (97,7)</i>
<b>Totaal</b>	<b>1.142</b>	<b>4.279</b>	<b>1.142</b>	<b>1.142</b>

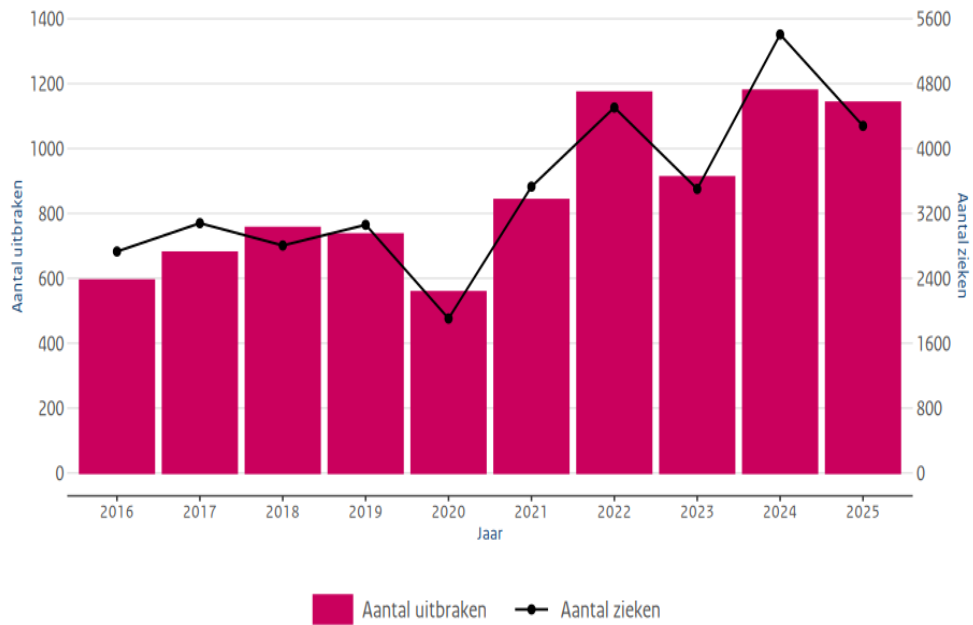
\* Ziekteverwekker aangetoond in voedsel- of omgevingsmonsters.

\*\* 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, 2025

Consumptie	Zelfde locatie	Thuis	Overig	Onbekend	Totaal
Bereiding	n (%)	n (%)	n (%)	n (%)	N (%)
Cafeteria/fast-food/afhaal	77 (65)	41 (35)	0	0	118 (10)
Catering	6 (86)	1 (14)	0	0	7 (1)
Hotel/pension	15 (94)	1 (6)	0	0	16 (1)
Instelling	5 (83)	0	0	1 (17)	6 (0,5)
Kantine	8 (100)	0	0	0	8 (1)
Marktkraam/braderie	34 (87)	5 (13)	0	0	39 (3)
Restaurant/eetcafé	532 (74)	186 (26)	0	1 (0,1)	719 (63)
Thuis/privé	132 (98)	0	0	3 (2)	135 (12)
Vliegtuig	3 (100)	0	0	0	3 (0,3)
Winkel/fabriek	8 (10)	74 (88)	0	2 (2)	84 (7)
Overig	1 (100)	0	0	0	1 (0,1)
Buitenland	0	0	0	5 (100)	5 (0,4)
Onbekend	0	0	0	1 (100)	1 (0,1)
<b>Totaal</b>	<b>821 (72)</b>	<b>308 (27)</b>	<b>0</b>	<b>13 (1)</b>	<b>1.142</b>

Figuur 12.1 Aantal meldingen van voedselgerelateerde uitbraken (kolommen, linkeras) en aantal ziektegevallen (lijn, rechteras) per jaar, NVWA/GGD/RIVM-CIb, 2016-2025





## Resultaten Sectie 3



## 13 Ziektelast

### 13.1 Hoofdpunten

- In 2025 werd de totale ziektelast van 14 voedselgerelateerde pathogenen geschat op 12.000 DALYs (vergelijkbaar met 2024), met totale ziektekosten van €581 miljoen, iets lager ten opzichte van 2024 (-0,8%).
- Norovirus veroorzaakte de meeste ziektelast en ziektekosten in 2025, met een lichte stijging ten opzichte van 2024 (+3%).
- Andere, lichte, stijgingen ten opzichte van 2024 waren met name te zien bij hepatitis E, *Salmonella* spp. en *Giardia* spp., en daalden, licht, met name bij *Campylobacter* spp, *Listeria monocytogenes*, rotavirus en *Cryptosporidium* spp..

### 13.2 Achtergrond

De grote verscheidenheid aan ziektebeelden, met variërende duur, ernst en sterfte, maken het lastig om de verschillende pathogenen met elkaar te vergelijken. Om te komen tot een consistente en kwantitatieve beoordeling van de volksgezondheidsimpact wordt dit uitgedrukt in DALY's (ziektelast) en euro's (ziekkosten). Dit is voor 14 voedselgerelateerde pathogenen gedaan, rekening houdend met het relatieve belang van de verschillende transmissieroutes.

### 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.

Voor *Salmonella* spp. is dit jaar voor het eerst niet meer gecorrigeerd voor de dekkinggraad van het surveillancesysteem waaruit de aantallen patiënten zijn verkregen. De reden is dat dekkinggraad enkele jaren geleden bepaald was en waarschijnlijk niet meer representatief was voor de huidige situatie. De incidentie valt hierdoor lager uit dan in eerdere jaren. Voor *Campylobacter* spp. wordt ook niet gecorrigeerd voor de dekkinggraad, maar het surveillancesysteem waaruit het verkregen is wordt elk jaar completer en kent een hogere dekkinggraad.

Het geschatte aantal incidentiegevallen van gastro-enteritis per pathogeen in 2025 is weergegeven in Tabel 13.4.1. De geschatte incidentie van ziekten veroorzaakt door pathogenen met een primair niet-gastro-intestinaal ziektebeeld staat in Tabel 13.4.2. Een overzicht van de jaarlijkse incidentie voor alle veertien onderzochte pathogenen in de periode 2021–2025 is opgenomen in Figuur 13.4.1.

Het totale aantal geschatte ziektegevallen door de veertien voedselgerelateerde pathogenen bedroeg in 2025 ongeveer 1.875.000,

een lichte daling ten opzichte van 2024 (1.891.000), maar iets hoger dan 2023 (1.828.000) en 2022 (1.672.000).

Het totale geschatte aantal sterfgevallen als gevolg van voedselgerelateerde ziekten in 2025 was iets lager dan in 2024 maar iets hoger dan in 2023: 270 sterfgevallen in 2025 vergeleken met 280 sterfgevallen in 2024 en 260 in 2023.

### 13.3.2 DALY

Tabel 13.4.3 presenteert de geschatte BoD per pathogeen voor de totale Nederlandse bevolking in 2025, 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 2025 wordt geschat op circa 12.000 DALY's. Dit is net zo hoog als in 2024 (12.000 DALY's), maar iets hoger dan in 2023 en 2022 (beide 11.000 DALY's) (zie Tabel B2.5 in Bijlage 2). Ten opzichte van 2024 is een toename van de ziektelast waargenomen voor norovirus (+100 DALY's), hepatitis E-virus (+160 DALY's) en *Giardia* spp (+40 DALY's). De ziektelast van *Salmonella* (1300 DALY's) is nog steeds op een verheven niveau in vergelijking met de jaren voor de COVID-19-pandemie (gemiddeld 660 DALY's, 2015 t/m. 2019).

In Figuur 13.4.2 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 15 procent bij aan de totale ziektelast, YLD door sequelae 33 procent, en YLL 52 procent. De verdeling tussen deze componenten verschilde aanzienlijk per pathogeen (zie Figuur 13.4.2 voor details).

De gemiddelde ziektelast veroorzaakt door de veertien pathogenen in de periode 2021–2025 staat in Figuur 13.4.3.

### 13.3.3 Ziektekosten

De totale ziektekosten (CoI) in 2025 bedroegen 581 miljoen euro (gedisconteerd met 4%) en waren daarmee iets lager dan in 2024 (586 miljoen euro; -0,9%), gelijk aan 2023 en hoger dan 2022 (550 miljoen euro) (zie Tabel 13.4.4, Figuur 13.4.4). De vier pathogenen met de hoogste bijdrage aan de totale kosten waren norovirus (207 miljoen euro), toxineproducerende *Staphylococcus aureus* (81 miljoen euro), rotavirus (64 miljoen euro) en *Campylobacter* spp. (62 miljoen euro). De laagste bijdrage werd geleverd door hepatitis A-virus (2 miljoen euro). De grootste veranderingen in ziektekosten ten opzichte van 2024 werden waargenomen voor rotavirus (-7 miljoen euro) en *Cryptosporidium* spp. (-4 miljoen euro). In het algemeen zijn de verschillen met 2024 minimaal. De gemiddelde kosten per ziektegeval (gedisconteerd op 4%) waren het hoogst voor perinatale infecties met *Listeria monocytogenes*, met een geschat bedrag van 245.000 euro per geval.

In Figuur 13.4.4 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 20 procent van de totale kosten voor de 14 pathogenen, de kosten voor patiënt/gezin 2 procent en de kosten in andere sectoren 78 procent. De verdeling over deze categorieën verschilde per pathogeen.

De gemiddelde CoI per pathogeen voor de jaren 2021–2025 zijn weergegeven in Figuur 13.4.5.

#### 13.3.4. *Attributie*

De attributieresultaten voor de DALY en ziektekosten in 2025 zijn weergegeven in Tabel 13.4.5 voor de belangrijkste transmissieroutes en in Tabel 13.4.6 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 35 procent van de totale kosten van ziekte (202 miljoen euro van het totaal van 581 miljoen euro). Ongeveer 64 procent van de voedselgerelateerde ziektelast werd toegeschreven aan vleesproducten (met name kip, varkensvlees, rund, kalfs, lam, schaapvlees, geiten en overige vleesoorten). Deze voedingsmiddelen waren ook verantwoordelijk voor naar schatting 59 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 nieuwe expert-elicitering [19], die een actualisatie vormt van de schattingen uit de eerdere studie van Havelaar et al. uit 2008 [20].

De attributieresultaten voor het aantal ziektegevallen, sterfgevallen, DALY en CoI in de periode 2021–2025 die gerelateerd zijn aan voedsel staan in de Tabellen B2.1, B2.2, B2.4 en B2.5 (zie Bijlage 2). De voedselgerelateerde ziektelast in 2025 is gelijk gebleven ten opzichte van 2024. De bijbehorende ziektelastkosten zijn ook in feite bijna gelijk gebleven ten opzichte van 2024.

## 13.4 Tabellen en figuren

Tabel 13.4.1 Gemiddeld geschatte incidentie van ziektegevallen van gastro-enteritis en 95% onzekerheidsinterval (tussen haakjes), per pathogeen in Nederland, 2025

Pathogeen	Ziektegevallen <sup>#</sup>			Sterftegevallen <sup>#</sup>
	Algemene bevolking (x 1.000)	Huisartsbezoeken (x 1.000)	Ziekenhuisopnames (x 1.000)	
<b>Bacteriën – infectieus</b>				
<i>Campylobacter</i> spp.	57 (7-160)	14 (7-26)	1 (0,4-2)	43 (28-59)
STEC O157	2 (0,2-9)	0 (0-0)	0,02 (0,02-0,02)	4 (2-7)
<i>Salmonella</i> spp.	30 (2-93)	4 (2-8)	1 (0,46-2)	32 (28-37)
<b>Bacteriën – toxineproducerend</b>				
<i>Bacillus cereus</i>	56 (18-140)	8 (2-22)	0,2 (0,08-0,6)	0 (0-0)
<i>Clostridium perfringens</i>	180 (59-390)	33 (8-86)	0,3 (0,1-0,6)	5 (0,1-20)
<i>Staphylococcus aureus</i>	290 (130-570)	41 (12-99)	2 (0,6-3)	7 (0,2-28)
<b>Virussen</b>				
Norovirus	930 (620-1300)	21 (12-34)	2 (0,9-3)	110 (47-220)
Rotavirus	160 (74-280)	9 (5-13)	5 (4-7)	28 (9-65)
<b>Protozoën</b>				
<i>Cryptosporidium</i> spp.	46 (14-110)	3 (1-5)	0,6 (0,2-1)	3 (0,05-12)
<i>Giardia</i> spp.	120 (59-240)	11 (6-20)	0,5 (0,04-1)	3 (0,08-13)

<sup>#</sup>De gepresenteerde cijfers zijn afgerond:  $\geq 100.000$  tot drie significante cijfers (bijvoorbeeld 123.256 = 123.000), tussen  $< 100.000$  en  $\geq 10$  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 13.4.2 Gemiddeld geschatte incidentie van ziektegevallen en 95% onzekerheidsinterval (tussen haakjes) van ziekten veroorzaakt door niet-gastro-intestinale pathogenen in Nederland, 2025

Pathoogeen	Ziektegevallen gemiddelde (95% CI)		Sterftegevallen gemiddelde (95% CI)	
<i>Listeria monocytogenes</i> *				
Perinataal	8		3	
Acquired	89		6	
Hepatitis A-virus <sup>#</sup>	1.200	(760-1.900)	4	(2-6)
Hepatitis E-virus <sup>#</sup>	990	(580-1.500)	11	(4-24)
<i>Toxoplasma gondii</i> <sup>#</sup>				
Congenitaal	330	(170-590)	12	(7-19)
Acquired**	440	(200-760)	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.

<sup>#</sup> De gepresenteerde cijfers zijn afgerond:  $\geq 10$  tot twee significante cijfers (bijvoorbeeld 1.325 = 1.300), en  $< 10$  tot 1 significant cijfer (bijvoorbeeld 0,0023 = 0,002).

<sup>#</sup> 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 13.4.3 Gemiddeld totaal aantal DALY's per jaar, DALY's per 100.000 inwoners en DALY's per ziektegeval in Nederland, 2025

Pathogeen	DALY/jaar		DALY per 100,000/jaar		DALY per geval	
	0%	1,5%	0%	1,5%	0%	1,5%
Discount rate	0%	1,5%	0%	1,5%	0%	1,5%
<b>Bacteriën – infectieus</b>						
<i>Campylobacter</i> spp,	2.600	2.300	15	13	0,05	0,04
STEC O157	150	120	0,8	0,7	0,07	0,05
<i>Salmonella</i> spp,	1.300	1.200	7	6	0,04	0,04
<i>L. monocytogenes</i> (perinatal)	300	170	2	1	38	22
<i>L. monocytogenes</i> (acquired)	56	53	0,3	0,3	0,6	0,6
<i>L. monocytogenes</i> (total)	360	223	2	1	4	2
<b>Bacteriën – toxineproducerend</b>						
<i>Bacillus cereus</i>	34	34	0,2	0,2	0,001	0,001
<i>Clostridium perfringens</i>	200	200	1	1	0,001	0,001
<i>Staphylococcus aureus</i>	220	210	1	1	0,001	0,001
<b>Virussen</b>						
Norovirus	3.000	2.700	17	15	0,003	0,003
Rotavirus	840	740	5	4	0,005	0,005
Hepatitis A-virus	130	100	0,7	0,6	0,1	0,09
Hepatitis E-virus	390	310	2	2	0,4	0,3
<b>Protozoën</b>						
<i>Cryptosporidium</i> spp.	81	78	0,4	0,4	0,002	0,002
<i>Giardia</i> spp,	320	310	2	2	0,003	0,003
<i>Toxoplasma gondii</i> (congenital)	1.600	900	9	5	5	3
<i>Toxoplasma gondii</i> (acquired)	290	220	2	1	0,7	0,5
<i>Toxoplasma gondii</i> (total)	1.900	1.100	11	6	2	1

De gepresenteerde cijfers zijn afgerond:  $\geq 100.000$  tot drie significante cijfers (bijvoorbeeld  $123.256 = 123.000$ ); tussen  $<100.000$  en  $\geq 10$  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 13.4.4 Geschatte gemiddelde totale ziektekosten (Cost of Illness, CoI), gemiddelde CoI per 100.000 inwoners en gemiddelde CoI per ziektegeval in Nederland, 2025

	Pathoogeen	COI/jaar (M€) <sup>#</sup>		COI per 100,000 (k€) <sup>#</sup>		COI per geval (€) <sup>#</sup>	
		0%	4%	0%	4%	0%	4%
<b>Bacteriën – infectieus</b>	<i>Campylobacter</i> spp.	68	62	370	350	1.200	1.100
	STEC O157	14	7	79	40	6.500	3.300
	<i>Salmonella</i> spp.	30	28	170	150	990	920
	<i>L. monocytogenes</i> (perinataal)	5	2	30	11	683.000	245.000
	<i>L. monocytogenes</i> (acquired)	3	3	17	16	34.000	32.000
	<i>L. monocytogenes</i> (totaal)	8	5	47	27	88.000	50.000
<b>Bacteriën – toxine-producerend</b>	<i>Bacillus cereus</i>	15	15	84	84	270	270
	<i>Clostridium perfringens</i>	39	39	220	220	220	220
	<i>Staphylococcus aureus</i>	81	81	450	450	270	270
<b>Virussen</b>	Norovirus	210	210	1.100	1.100	220	220
	Rotavirus	64	64	350	350	410	410
	Hepatitis A-virus	2	2	13	13	2.100	2.100
	Hepatitis E-virus	6	6	33	33	5.900	5.900
<b>Protozoën</b>	<i>Cryptosporidium</i> spp.	16	16	89	89	350	350
	<i>Giardia</i> spp.	29	29	160	160	240	240
	<i>Toxoplasma gondii</i> (congenitaal)	55	18	310	98	166.000	53.000
	<i>Toxoplasma gondii</i> (acquired)	2	2	9	9	3.500	3.500
	<i>Toxoplasma gondii</i> (totaal)	57	20	320	110	73.000	25.000

<sup>#</sup>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:  $\geq 100.000$  op drie significante cijfers (bijv. 123.256 = 123.000 of 123 k€); tussen  $<100.000$  en  $\geq 10$  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 13.4.5 Attributie van het geschatte gemiddelde aantal ziektegevallen, sterftegevallen, ziektelast en kosten van voedselgerelateerde<sup>a</sup> infectieziekten aan de belangrijkste transmissieroutes in Nederland, 2025

	<b>Voedsel</b>	<b>Drinkwater</b>	<b>Oppervlaktewater</b>	<b>Overige milieu</b>	<b>Dieren</b>	<b>Mens-mens</b>	<b>Reis</b>	<b>Totaal</b>
Aantal ziektegevallen per jaar <sup>b</sup>	561.000 (30%)	18.000 (1%)	79.000 (4%)	93.000 (5%)	63.000 (3%)	904.000 (58%)	156.000 (8%)	1.875.000 (100%)
Aantal sterftegevallen per jaar <sup>b</sup>	86 (32%)	2 (<1%)	14 (5%)	13 (5%)	11 (4%)	120 (44%)	32 (12%)	270 (100%)
Ziektelast (DALY) <sup>b</sup>	4.700 (39%)	62 (<1%)	720 (6%)	670 (6%)	640 (5%)	3.300 (28%)	1.400 (12%)	12.000 (100%)
Ziektekosten (M€, gediscoteerd (4%)) <sup>c</sup>	202 (35%)	5 (<1%)	29 (5%)	28 (5%)	26 (4%)	235 (41%)	57 (10%)	581 (100%)

a) Van de 14 pathogenen die in deze studie zijn opgenomen.

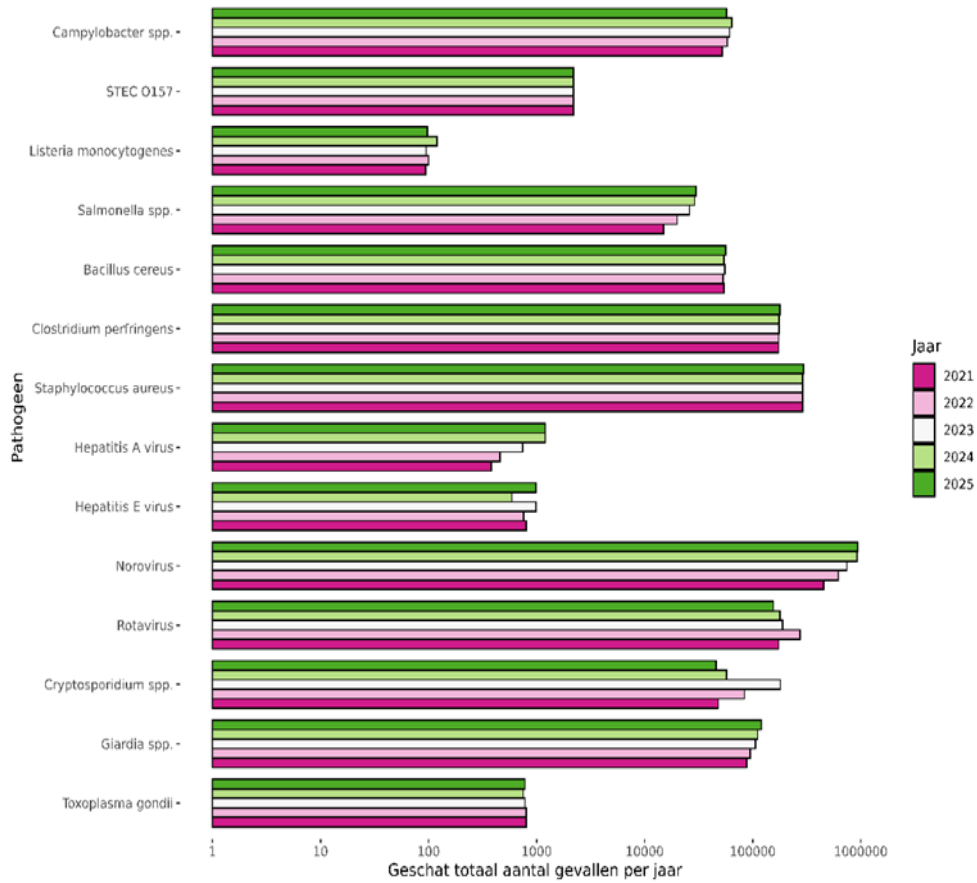
b) De gepresenteerde aantallen zijn afgerond:  $\geq 100.000$  op drie significante cijfers (bijvoorbeeld  $123.256 = 123.000$ ); tussen  $<100.000$  en  $\geq 10$  op twee significante cijfers (bijv.  $1.325 = 1.300$ ); en  $<10$  op één significant cijfer (bijv.  $0,0023 = 0,002$ ). De gepresenteerde 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 13.4.6 Attributie van het geschatte gemiddelde aantal ziektegevallen, sterfgevallen, ziektelast en kosten van voedselgerelateerde<sup>a</sup> infectieziekten aan de belangrijkste voedsel groepen in Nederland, 2025

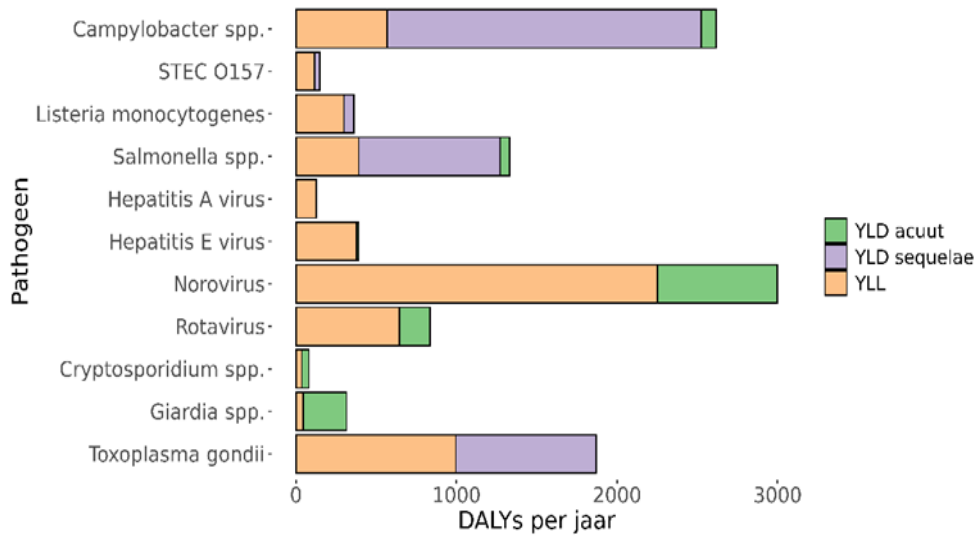
	<b>Aantal gevallen per jaar<sup>b</sup></b>	<b>Aantal sterfte gevallen per jaar<sup>b</sup></b>	<b>Ziekte-last (DALY)<sup>b</sup></b>	<b>Ziektekosten (M€, gediscoteerd (4%))<sup>c</sup></b>
Verwerkt kippenvlees	34.000	3	120	10
Niet-verwerkte kippenvlees	33.000	10	550	18
Overig pluimveevlees	20.000	4	270	9
Verwerkt rundvlees	33.000	4	240	11
Niet-verwerkte rundvlees	29.000	8	610	16
Verwerkt varkensvlees	29.000	8	370	12
Niet-verwerkt varkensvlees	27.000	7	390	12
Kalfsvlees	15.000	2	130	5
Schapenvlees	13.000	2	150	5
Geitenvlees	13.000	1	70	4
Overige vleessoorten	12.000	2	120	4
Eieren	21.000	7	300	10
Zuivelproducten	29.000	3	150	10
Schelpdieren	27.000	4	170	8
Vis en schaaldieren	13.000	3	150	5
Fruit	18.000	3	150	6
Groenten	24.000	4	220	8
Granen, ontbijtgranen, pasta, brood en andere bakkerijproducten	27.000	2	85	8
Voedselbereiders en ongedierte	114.000	11	380	31
Overige voedingsmiddelen	32.000	2	75	8
<b>Totaal</b>	<b>561.000</b>	<b>86</b>	<b>4.700</b>	<b>202</b>

- a) Van de 14 pathogenen die in deze studie zijn opgenomen.
- b) De gepresenteerde aantallen zijn afgerond:  $\geq 100.000$  op drie significante cijfers (bijvoorbeeld  $123.256 = 123.000$ ); tussen  $<100.000$  en  $\geq 10$  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€).

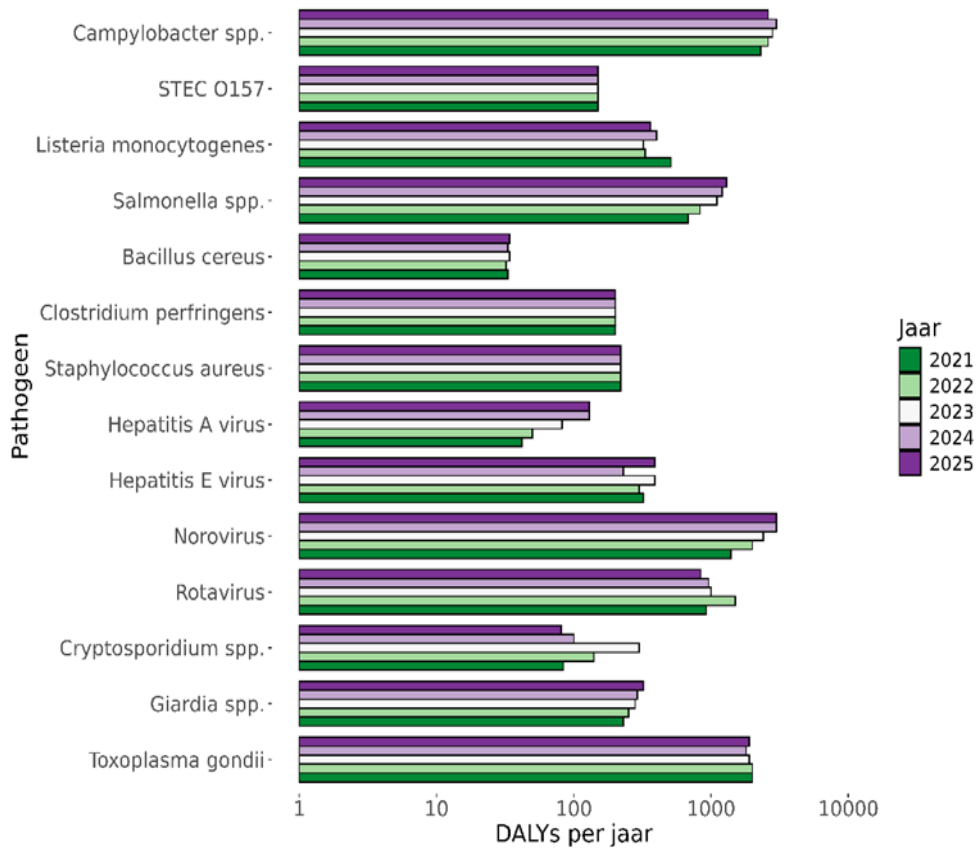
*Figuur 13.4.1 Vergelijking van het gemiddeld geschatte aantal incidentiegevallen van voedselgerelateerde pathogenen, 2021–2025*



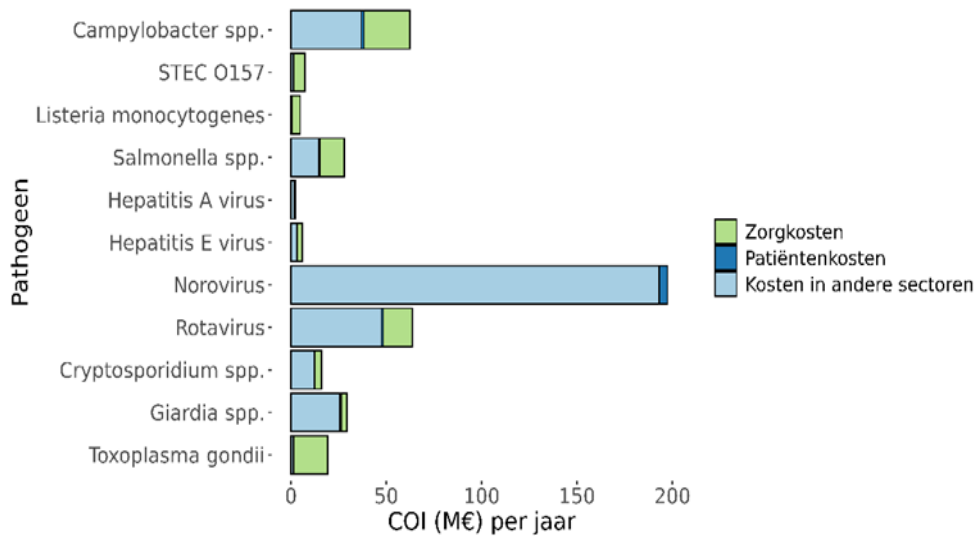
*Figuur 13.4.2 Gemiddelde DALY per jaar veroorzaakt door voedselgerelateerde pathogenen in 2025, uitgesplitst in YLD door acute infecties, YLD ten gevolge van sequelae en YLL door voortijdige sterfte*



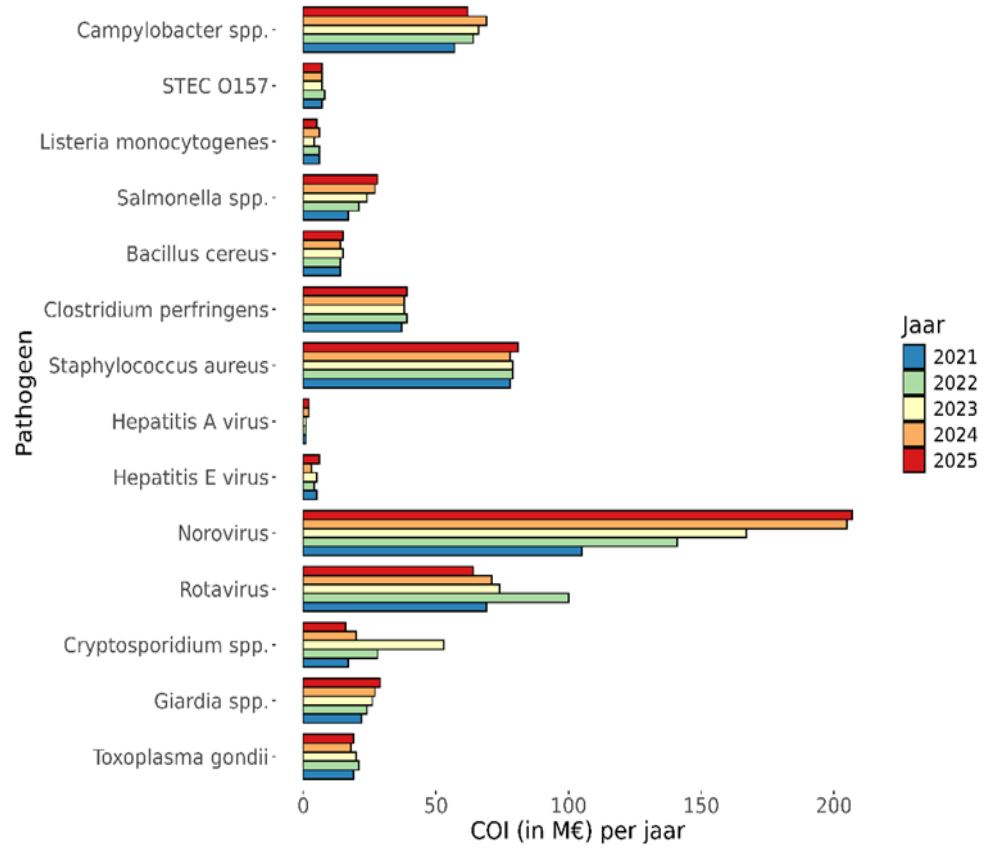
*Figuur 13.4.3 Vergelijking van de ziektelast (ongedisconteerde DALY) door voedselgerelateerde pathogenen in de periode 2021–2025*



*Figuur 13.4.4 Gemiddelde jaarlijkse ziektekosten (Cost-of-Illness, CoI; gediscoteerd) door voedselgerelateerde pathogenen in 2025, uitgesplitst naar zorgkosten, kosten voor patiënt/gezin en kosten in andere sectoren*



Figuur 13.4.5 Vergelijking van de ziektelastkosten (miljoen euro, gediscoteerd tegen 4% en uitgedrukt in 2025 euro) van voedselgerelateerde pathogenen in de periode 2021–2025



## 14 Discussie en conclusies

Deze jaarrapportage over 2025 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, ziektelast en kosten** van deze groep pathogenen in 2025 werd geschat op 1.875.000 zieken, 12.000 DALYs en 581 miljoen euro. Dit is vergelijkbaar met 2024 (1.891.000 zieken, 12.000 DALYs, 586 miljoen euro). Van deze totale ziektelast is ongeveer 39 procent toe te schrijven aan voedsel als transmissieroute, wat gelijk is aan 2024. Andere transmissieroutes betreffen mens-op-mens (28%), reizen (12%), milieu (12%) en diercontact (5%).

De pathogenen met de hoogste ziektelast betreffen norovirus (3.000 DALY's), *Campylobacter* (2.600 DALY's), toxoplasmose (1.600 DALY's) en *Salmonella* (1.300 DALY's). Ten opzichte van 2024 is een toename van de ziektelast waargenomen voor norovirus (+100 DALY's), hepatitis E-virus (+160 DALY's) en *Giardia* spp (+40 DALY's). De ziektelast van *Salmonella* (1.300 DALY's) ligt nog steeds hoger in vergelijking met de jaren voor de COVID-19-pandemie (gemiddeld 660 DALY's).

Het totaal aantal gemelde **voedselgerelateerde uitbraken** ligt in 2025 iets lager dan in 2024 (n=1.142 versus n=1.179). Echter, dit niveau is aanmerkelijk hoger dan in de periode voor de COVID-19-pandemie (2015-2019 gemiddelde van rond de 700 uitbraken). Het aan deze uitbraken gerelateerde aantal zieken lag in 2025 (4.279) lager dan in het piekjaar 2024 (5.405) toen er sprake was een uitzonderlijk grote norovirus-uitbraak. Ook het aantal zieken gerelateerd aan gemelde uitbraken ligt gedurende 2022-2025 beduidend hoger dan in de jaren voor de COVID-19-pandemie (ongeveer 3.000 zieken). De reden daarvan is onbekend. De belangrijkste verwekkers gerelateerd aan de uitbraken in 2025 waren *Salmonella* en norovirus. De meest opvallende, landelijke uitbraken betreffen de algemene *Salmonella* Enteritidis verheffing gerelateerd aan leghennen en consumptie van eieren, en een STEC O157-uitbraak met 14 patiënten waarbij de bron niet kon worden achterhaald.

Het aantal meldingen via de GGD (meldplicht voedselgerelateerde uitbraken) blijft laag en bestaat voor ongeveer de helft uit de bovenregionale uitbraken die via de landelijke (laboratorium)surveillance 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. 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.

In 2025 waren er een aantal opvallende **epidemiologische trends** onder de individuele ziekteverwekkers *Salmonella* Enteritidis, STEC, hepatitis A-virus, norovirus en rotavirus.

**Salmonella Enteritidis.** Net als in 2023 en 2024 was het aantal *S. Enteritidis*-patiënten in 2025 sterk verhoogd ten opzichte van 2015-2019. Waar het in 2023 nog vooral te wijten was aan een grote uitbraak gerelateerd aan eierschalen [26], betrof dit in 2024 en 2025 een algemene verheffing van een factor 2-2,5 gedurende het hele jaar met een grote diversiteit aan genotypen en kleine clusters [25]. Deze langdurige verheffing is een reflectie van een toename van SE-positieve leghennen boven de EU-grens van 2 procent. De ingezette maatregelen zoals verhoogde testfrequentie en aandacht voor bedrijfshygiëne hadden in 2025 nog niet het gewenste effect. In de eerste helft van 2026 is een stagnatie zichtbaar. Het is afwachten of de incidentie gaat dalen naar het niveau van 2017-2019.

De periode 2020-2024 laat voor *S. Enteritidis* op EU-niveau een duidelijke toename in absolute incidentie en uitbraakactiviteit zien na een COVID-19 dip, terwijl het relatieve aandeel van SE binnen alle salmonellose hoog en vrij stabiel blijft. De trend lijkt dus vooral te reflecteren dat het algemene *Salmonella*-niveau omhoog gaat, met SE als blijvende hoofdverwekker, plus aanhoudende structurele problemen in specifieke pluimvee ketens (eieren en kippenvlees).

**STEC-infecties.** Sinds 2022 wordt een hoger aantal STEC-infecties gezien in vergelijking met de jaren vóór de coronapandemie. In 2025 was het aantal vergelijkbaar met 2024 en is daarmee nog steeds op het hoogste niveau sinds de aanscherping van de meldplicht in 2016. De reden voor de toename van STEC-infecties is niet bekend. De stijging is vooral te zien in het aantal meldingen zonder getypeerd isolaat. Dit is een direct gevolg van een toename van moleculaire diagnostiek zonder opvolging van kweek om een isolaat te bemachtigen. Van deze meldingen ontbreekt dus serotype informatie en de mogelijkheid om middels WGS deze te includeren in cluster-analyse of bronattributie studies. Daarnaast is er ondanks een One Health-database voor STEC, waarbij WGS-data van isolaten van patiënten, voedsel en dieren worden samengebracht, 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 [32]. 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 huisdieren voedsel.

Ook in Europa stijgt het aantal STEC-meldingen significant over de afgelopen paar jaar naar niveaus die niet eerder zijn waargenomen [47]. Omdat de stijging in zowel HUS als sterfte veel minder sterk is dan het aantal meldingen wordt een toegenomen incidentie met name toegeschreven aan een verschuiving van kweek naar moleculaire (PCR) detectie.

**Hepatitis A.** Net als in 2024 was het aantal hepatitis A-gevallen relatief hoog in 2025. In 2025 waren er minder infecties en clusters toe te schrijven aan voedsel. Het aandeel buitenland en sekscontact/MSM was gelijk. Echter, het aandeel met een onbekende bron lag in 2025 beduidend hoger dan in de periode 2021-2024. Een decennialange afname in de circulatie van het hepatitis A-virus heeft de natuurlijke immuniteit verlaagd. Hepatitis A-vaccinatie is in Nederland gericht op specifieke risicogroepen (zoals reizigers en MSM), waardoor veel jongvolwassenen en mensen van middelbare leeftijd vatbaar zijn en blijven.

In 2025 was er sterke toename in meerdere Midden- en Oost-Europese landen, vooral Oostenrijk, Tsjechië, Hongarije en Slowakije, met opvallend veel gevallen bij volwassenen in kwetsbare leefomstandigheden en bij Roma-gemeenschappen.

**Norovirus.** Het aantal norovirus-infecties was in 2024/2025 het hoogste in 10 jaar en 77 procent hoger dan in de vijf jaren vóór 2019/2020. In het seizoen 2023/2024 kon het hoge aantal infecties nog mogelijk deels verklaard worden door een verandering in het meest circulerende genotype vanaf het voorjaar van 2024 (II.17 in plaats van het voorheen dominante II.4). Hierdoor hadden mensen mogelijk minder immuniteit tegen dit voorheen minder voorkomende genotype. Echter, 2024/2025 werd weer gedomineerd door II.4 waardoor afgenomen immuniteit minder valide is als verklaring voor het hoge aantal. De oorzaak achter het hoge aantal infecties in 2025 is onduidelijk.

**Rotavirus.** In 2024/2025 liet het aantal rotavirus-infecties een verdere daling zien. Rotavirusvaccinatie is voor kinderen die geboren zijn vanaf januari 2024 opgenomen in het Rijksvaccinatieprogramma.

**Samengevat** kan gesteld worden dat het aantal voedselgerelateerde infecties, de daarbij behorende ziektelast en kosten, en aantal uitbraken vergelijkbaar zijn met 2024. Echter, het aantal uitbraken en bijbehorend aantal zieken ligt sinds 2022 structureel aanzienlijk hoger dan vóór de COVID-19-pandemie. Op pathogeenniveau zijn het aantal *Salmonella* Enteritidis-ziektegevallen sinds 2023 het meest zorgelijk. De ingezette maatregelen zoals verhoogde testfrequentie en aandacht voor bedrijfshygiëne hadden in 2025 nog niet het gewenste effect. In de eerste helft van 2026 is een stagnatie zichtbaar. Het is afwachten of de incidentie gaat dalen naar het niveau van 2017-2019. Naast *Salmonella*, ligt de incidentie van STEC-infecties, hepatitis A en norovirus-infecties aanhoudend hoger dan voor de COVID-19-pandemie.



## 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, Charlotte Verbart, Vanessa Visser, Coen van der Weijden.
- **Wageningen Bioveterinary Research (WBVR)**: Miriam Koene.
- **Wageningen Food Safety Research (WFSR)**: Greetje Castelijns, Ralph Litjens, Menno van der Voort.
- **RIVM**: Jorrit Hofstra, Daan Notermans, Thomas Roodsant, Harry Vennema.



## Literatuur

1. Lund BM. Microbiological Food Safety for Vulnerable People. *Int J Environ Res Public Health*. 2015;12(8):10117–32.
2. 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.
3. 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.
4. 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.
5. Chlebicz A, Slizewska K. Campylobacteriosis, Salmonellosis, Yersiniosis, and Listeriosis as Zoonotic Foodborne Diseases: A Review. *International Journal of Environmental Research and Public Health*. 2018;15(5).
6. Kirk MD, Pires SM, Black RE, Caipo M, Crump JA, Devleeschauwer 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.
7. 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>
8. 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).
9. 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.
10. 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.
11. 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.
12. 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.
13. 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.

14. CDC. Surveillance for foodborne disease outbreaks - United States, 2007. *Morbidity and Mortality Weekly Report*. 2010;59(31):973–9.
15. 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.
16. Aalten M, De Jong A, Stenvers O, Braks M, Friesema I, Maassen K, et al. *Staat van zoonosen 2010*. Bilthoven / Den Haag: RIVM / nVWA; 2011.
17. 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>
18. 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.
19. Wijnen LI, Nane GF, Beninca E, Pijnacker R, Franz E, Cooke RM, et al. Source attribution of foodborne pathogens in the Netherlands using structured expert elicitation. *International Journal of Food Microbiology*. 2026;454:111735.
20. 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.
21. RIVM. *Virologische weekstaten*. 2023 [cited]. Available from: <https://www.rivm.nl/virologische-weekstaten>.
22. 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.
23. Bouwknecht 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).
24. Mughini-Gras L, Smid J, Enserink R, Franz E, Schouls L, Heck M, et al. Tracing the sources of human salmonellosis: a multi-model comparison of phenotyping and genotyping methods. *Infect Genet Evol*. 2014;28:251–60.
25. van den Berg OE, Adriaansens DL, Lanzl MI, Mooijman K, van Hoek AH, Brandwagt DA, et al. Ongoing increase in autochthonous *Salmonella* Enteritidis infections, the Netherlands, June 2023 to June 2025. *Euro Surveill*. 2025;30(30).
26. Adriaansens DL, van den Berg OE, Lanzl MI, van der Weijden C, van Dommelen M, Nagel K, et al. The role of contaminated eggshells used in poultry feed in a diffuse nationwide outbreak of *Salmonella* Enteritidis, the Netherlands, 2023 to 2025. *Euro Surveill*. 2026;31(9).
27. European Centre for Disease Prevention and Control, European Food Safety Authority. Three clusters of *Salmonella* Enteritidis ST11 infections linked to chicken meat and chicken meat products - 26 October 2023. 2023.  
<https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/salmonella-enteritidis-chicken-rapid-outbreak-assessment-october-2023.pdf>

28. 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.
29. van den Beld M, Pijnacker R, van Dam A, Bovée 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).
30. Franz E, de Greeff SC, Kolwijck E, Schoffelen AF, Veldman KT. *NethMap One Health 2025*. Bilthoven: RIVM; 2025.  
<https://rivm.openrepository.com/handle/10029/655790>
31. 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.
32. 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).
33. Friesema IH, Van De Kasstele J, De Jager CM, Heuvelink AE, Van Pelt W. Geographical association between livestock density and human Shiga toxin-producing *Escherichia coli* O157 infections. *Epidemiol Infect.* 2011;139(7):1081–7.
34. Smith JL, Fratamico PM, Gunther NW. Shiga Toxin-Producing *Escherichia coli*. *Advances in applied microbiology.* 2014;86:145–97.
35. Shin EC, Jeong SH. Natural History, Clinical Manifestations, and Pathogenesis of Hepatitis A. *Cold Spring Harb Perspect Med.* 2018;8(9).
36. 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>.
37. 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.
38. 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.
39. Barruet R, Devez A, Dupouy-Camet J, Karadjian G, Plavska D, Chyderiotis G, et al. A common source for a trichinellosis outbreak reported in France and Serbia in 2017. *Euro Surveill.* 2020;25(24).
40. 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.

41. 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.
42. 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.
43. 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).
44. 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.
45. Masuet-Aumatell C, Atouguia J. Typhoid fever infection - Antibiotic resistance and vaccination strategies: A narrative review. *Travel Med Infect Dis.* 2021;40:101946.
46. Sack DA, Sack RB, Nair GB, Siddique AK. Cholera. *Lancet.* 2004;363(9404):223–33.
47. European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention Control. The European Union One Health 2024 Zoonoses report. *EFSA Journal.* 2025;23(12):e9759.

## 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
HACCP	Hazard Analysis of Critical Control Points
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 <i>Escherichia coli</i>
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, 2006-2025

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	5.405	4,6	9	1.013
2025	1.142	4.279	3,7	8	191

Tabel B1.2 Aantal uitbraken en ziektegevallen, naar omvang, 2021-2025

Aantal zieken	2021		2022		2023		2024		2025	
	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
1*	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0	2	0,2
2-4	721	85,6	977	83,3	758	83,1	977	82,9	968	82,9
5-9	83	9,9	143	12,2	111	12,2	137	11,6	121	11,6
10-14	14	1,7	27	2,3	23	2,5	36	3,1	27	3,1
15-19	8	1,0	5	0,4	8	0,9	6	0,5	9	0,5
20-24	2	0,2	4	0,3	3	0,3	4	0,3	3	0,3
25-34	8	1,0	6	0,5	5	0,5	7	0,6	5	0,6
34+	6	0,7	11	0,9	4	0,4	12	1,0	7	1,0
<b>Totaal</b>	<b>842</b>	<b>100</b>	<b>1.173</b>	<b>100</b>	<b>912</b>	<b>100</b>	<b>1.179</b>	<b>100</b>	<b>1.142</b>	<b>100</b>

\* Patiënt gerelateerd aan een uitbraak in het buitenland

Tabel B1.3 Aantal uitbraken en ziektegevallen, NVWA, 2006-2025

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	5.318	4,5
2025	1.129	4.218	3,7

Tabel B1.4 Aantal uitbraken en ziektegevallen, GGD'en, 2006-2025

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	65,7*	16	1
2025	21	252	12,0	24	1

\* gemiddelde sterk beïnvloed door een uitbraak met 717 ziektegevallen

Tabel B1.5 Aantal uitbraken, naar ziekteverwekker in voedsel-/omgevingsmonsters en/of patiënten, 2021-2025

Pathogeen	2021	2022	2023	2024	2025
<i>B. cereus</i> *	0	0	0	0	0
<i>S. aureus</i> *	0	0	0	1	0
<i>C. perfringens</i> *	0	0	0	0	0
<i>Campylobacter</i> spp	5	5	7	1	4
<i>L. monocytogenes</i>	2	1	0	1	2
<i>Salmonella</i> spp	11	7	14	9	10
<i>Shigella</i> spp	0	1	0	0	2
STEC/EHEC	1	3	1	1	3
<i>Yersinia</i> spp	1	0	0	0	0
Astrovirus	0	0	0	0	1
Hepatitis A-virus	2	0	0	3	0
Norovirus**	6	4	7	12	7
Rotavirus	0	0	1	0	1
Twee pathogenen	0	3	2	3	1
Totaal bekend	28	24	32	31	30
% bekend	3,3%	2,0%	3,5%	2,6%	2,7%
Onbekend/niet onderzocht	814	1149	880	1.148	1.111
<b>Totaal</b>	<b>842</b>	<b>1.173</b>	<b>912</b>	<b>1.179</b>	<b>1.142</b>

\* *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, 2021-2025

Pathogeen	2021	2022	2023	2024	2025
<i>B. cereus</i> *	0	0	0	0	0
<i>S. aureus</i> *	0	0	0	2	0
<i>C. perfringens</i> *	0	0	0	0	0
<i>Campylobacter</i> spp	11	22	34	2	13
<i>L. monocytogenes</i>	9	7	0	4	3
<i>Salmonella</i> spp	205	103	235	209	161
<i>Shigella</i> spp	0	47	0	0	17
STEC/EHEC	12	49	15	5	17
<i>Yersinia</i> spp	6	0	0	0	0
Astrovirus	0	0	0	0	2
Hepatitis A-virus	24	0	0	41	0
Norovirus**	262	53	178	924	235
Rotavirus	0	0	7	0	10
Twee pathogenen	0	65	34	52	3
Totaal bekend	529	346	503	1.222	451
Onbekend/niet onderzocht	3.001	4.159	2.999	4.166	3.818
<b>Totaal</b>	<b>3.530</b>	<b>4.505</b>	<b>3.502</b>	<b>5.405</b>	<b>4.279</b>

\* *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, 2021–2025

Tabel B2.1 Geschatte gemiddelde aantal ziektegevallen per pathogeen in Nederland voor 2021-2025

Pathogeen	Aantal ziektegevallen/jaar				
	2021	2022	2023	2024	2025
<i>Campylobacter</i> spp.	52.000	58.000	61.000	64.000	57.000
STEC O157	2.200	2.200	2.200	2.200	2.200
<i>Salmonella</i> spp.	15.000	20.000	26.000	29.000	30.000
<i>Listeria monocytogenes</i>	94	100	95	120	97
<i>Bacillus cereus</i>	54.000	53.000	55.000	54.000	56.000
<i>Clostridium perfringens</i>	174.000	174.000	175.000	175.000	179.000
<i>Staphylococcus aureus</i>	289.000	290.000	289.000	290.000	294.000
Norovirus	454.000	619.000	742.000	927.000	933.000
Rotavirus	174.000	275.000	189.000	179.000	155.000
Hepatitis A-virus	380	460	740	1.200	1.200
Hepatitis E-virus	800	760	990	590	990
<i>Cryptosporidium</i> spp.	48.000	84.000	180.000	57.000	46.000
<i>Giardia</i> spp.	88.000	95.000	106.000	111.000	120.000
<i>Toxoplasma gondii</i>	800	800	780	750	780
<b>Totaal</b>	<b>1.352.000</b>	<b>1.672.000</b>	<b>1.828.000</b>	<b>1.891.000</b>	<b>1.875.000</b>

De gepresenteerde cijfers zijn afgerond:  $\geq 100.000$  tot drie significante cijfers bijvoorbeeld  $123.256 = 123.000$ ). tussen  $< 100.000$  en  $\geq 10$  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 Geschatte gemiddelde aantal ziektegevallen geattribueerd aan voedsel per pathoogeen in Nederland voor 2021-2025

Pathoogeen	Aantal ziektegevallen/jaar				
	2021	2022	2023	2024	2025
<i>Campylobacter</i> spp.	28.000	31.000	33.000	34.000	31.000
STEC O157	1.100	1.100	1.100	1.100	1.100
<i>Salmonella</i> spp.	8.100	11.000	14.000	15.000	16.000
<i>Listeria monocytogenes</i>	72	78	73	88	74
<i>Bacillus cereus</i>	39.000	39.000	40.000	40.000	41.000
<i>Clostridium perfringens</i>	122.000	122.000	123.000	123.000	126.000
<i>Staphylococcus aureus</i>	224.000	224.000	224.000	224.000	228.000
Norovirus	44.000	60.000	71.000	89.000	90.000
Rotavirus	4.700	7.500	5.200	4.900	4.200
Hepatitis A-virus	71	84	140	210	220
Hepatitis E-virus	530	500	650	390	660
<i>Cryptosporidium</i> spp.	8.000	14.000	30.000	9.700	7.700
<i>Giardia</i> spp.	11.000	12.000	13.000	14.000	15.000
<i>Toxoplasma gondii</i>	530	530	510	500	510
<b>Totaal</b>	<b>491.000</b>	<b>523.000</b>	<b>556.000</b>	<b>556.000</b>	<b>561.000</b>

De gepresenteerde cijfers zijn afgerond:  $\geq 100.000$  tot drie significante cijfers bijvoorbeeld  $123.256 = 123.000$ ). tussen  $< 100.000$  en  $\geq 10$  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 B2.3 Geschatte gemiddelde aantal sterftegevallen per pathoog in Nederland voor 2021-2025

Pathoog	Aantal sterftegevallen/jaar				
	2021	2022	2023	2024	2025
<i>Campylobacter</i> spp.	39	42	41	53	43
STEC O157	4	4	4	4	4
<i>Salmonella</i> spp.	20	17	29	27	32
<i>Listeria monocytogenes</i>	15	14	16	13	9
<i>Bacillus cereus</i>	0	0	0	0	0
<i>Clostridium perfringens</i>	5	5	5	5	5
<i>Staphylococcus aureus</i>	7	7	7	7	7
Norovirus	53	70	88	110	110
Rotavirus	31	48	34	32	28
Hepatitis A-virus	1	1	2	4	4
Hepatitis E-virus	9	9	11	7	11
<i>Cryptosporidium</i> spp.	3	5	11	4	3
<i>Giardia</i> spp.	2	3	3	3	3
<i>Toxoplasma gondii</i>	13	13	12	11	12
<b>Totaal</b>	<b>200</b>	<b>240</b>	<b>260</b>	<b>280</b>	<b>270</b>

De gepresenteerde cijfers zijn afgerond:  $\geq 10$  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 B2.4 Geschatte gemiddelde aantal sterftegevallen geattribueerd aan voedsel per pathoog in Nederland voor 2021-2025

Pathoog	Aantal sterftegevallen/jaar				
	2021	2022	2023	2024	2025
<i>Campylobacter</i> spp.	21	22	22	28	23
STEC O157	2	2	2	2	2
<i>Salmonella</i> spp.	11	9	15	14	17
<i>Listeria monocytogenes</i>	11	11	12	10	7
<i>Bacillus cereus</i>	0	0	0	0	0
<i>Clostridium perfringens</i>	3	3	3	3	3
<i>Staphylococcus aureus</i>	5	5	5	5	5
Norovirus	5	7	9	10	11
Rotavirus	0,8	1	0,9	0,9	0,8
Hepatitis A-virus	0,2	0,3	0,4	0,7	0,7
Hepatitis E-virus	6	6	7	4	8
<i>Cryptosporidium</i> spp.	0,5	0,9	2	0,6	0,5
<i>Giardia</i> spp.	0,3	0,3	0,4	0,4	0,4
<i>Toxoplasma gondii</i>	8	9	8	7	8
<b>Totaal</b>	<b>75</b>	<b>77</b>	<b>88</b>	<b>88</b>	<b>86</b>

De gepresenteerde cijfers zijn afgerond:  $\geq 10$  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 B2.5 Geschatte gemiddelde aantal DALYs per pathogeen in Nederland voor 2021-2025

Pathogeen	Gemiddeld aantal DALYs/jaar				
	2021	2022	2023	2024	2025
<i>Campylobacter</i> spp.	2.300	2.600	2.800	3.000	2.600
STEC O157	150	150	150	150	150
<i>Salmonella</i> spp.	680	830	1.100	1.300	1.300
<i>L. monocytogenes</i>	510	330	320	400	360
<i>Bacillus cereus</i>	33	32	34	33	34
<i>Clostridium perfringens</i>	200	200	200	200	200
<i>Staphylococcus aureus</i>	220	220	220	220	220
Norovirus	1.400	2.000	2.400	2.900	3.000
Rotavirus	920	1.500	1.000	930	840
Hepatitis A-virus	42	50	82	130	130
Hepatitis E-virus	320	300	390	230	390
<i>Cryptosporidium</i> spp.	84	140	300	94	81
<i>Giardia</i> spp.	230	250	280	280	320
<i>Toxoplasma gondii</i>	2.000	2.000	1.900	1.800	1.900
<b>Totaal</b>	<b>9.200</b>	<b>11.000</b>	<b>11.000</b>	<b>12.000</b>	<b>12.000</b>

Tabel B2.6 Geschatte gemiddelde aantal DALYs geattribueerd aan voedsel in Nederland voor 2021-2025

Pathogeen	DALY/jaar				
	2021	2022	2023	2024	2025
<i>Campylobacter</i> spp.	1.200	1.400	1.500	1.600	1.400
STEC O157	73	73	73	73	74
<i>Salmonella</i> spp.	360	440	590	690	710
<i>Listeria monocytogenes</i>	390	250	240	310	280
<i>Bacillus cereus</i>	24	23	25	24	25
<i>Clostridium perfringens</i>	140	140	140	140	140
<i>Staphylococcus aureus</i>	170	170	170	170	170
Norovirus	140	190	230	280	290
Rotavirus	25	41	27	25	23
Hepatitis A-virus	8	9	15	24	24
Hepatitis E-virus	210	200	260	150	260
<i>Cryptosporidium</i> spp.	14	24	50	16	14
<i>Giardia</i> spp.	29	32	35	35	40
<i>Toxoplasma gondii</i>	1.300	1.300	1.300	1.200	1.200
<b>Totaal</b>	<b>4.100</b>	<b>4.300</b>	<b>4.600</b>	<b>4.700</b>	<b>4.700</b>

De gepresenteerde cijfers zijn afgerond:  $\geq 100.000$  tot drie significante cijfers (bijvoorbeeld  $123.256 = 123.000$ ); tussen  $<100.000$  en  $\geq 10$  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 B2.7 Geschatte gemiddelde aantal COI per pathogeen in Nederland voor 2021-2025

Pathogeen	COI/jaar (Million €. uitgedrukt in 2025 euros)				
	2021	2022	2023	2024	2025
<i>Campylobacter</i> spp.	57	64	66	69	62
STEC O157	7	8	7	7	7
<i>Salmonella</i> spp.	17	21	24	27	28
<i>Listeria monocytogenes</i>	6	6	4	6	5
<i>Bacillus cereus</i>	14	14	15	14	15
<i>Clostridium perfringens</i>	37	39	38	38	39
<i>Staphylococcus aureus</i>	78	79	79	78	81
Norovirus	105	141	167	205	207
Rotavirus	69	100	74	71	64
Hepatitis A-virus	1	1	1	2	2
Hepatitis E-virus	5	4	5	3	6
<i>Cryptosporidium</i> spp.	17	28	53	20	16
<i>Giardia</i> spp.	22	24	26	27	29
<i>Toxoplasma gondii</i>	19	21	20	18	20
<b>Totaal</b>	<b>454</b>	<b>550</b>	<b>581</b>	<b>586</b>	<b>581</b>

Tabel B2.8 Attributie van de geschatte gemiddelde aantal COI per pathogeen aan voedsel in Nederland voor 2021-2025

Pathogeen	COI/jaar (Million €. uitgedrukt in 2025 euros)				
	2021	2022	2023	2024	2025
<i>Campylobacter</i> spp.	30	34	35	37	33
STEC O157	3	4	3	3	3
<i>Salmonella</i> spp.	9	12	13	14	15
<i>Listeria monocytogenes</i>	5	5	3	5	4
<i>Bacillus cereus</i>	10	10	11	10	11
<i>Clostridium perfringens</i>	26	27	27	27	27
<i>Staphylococcus aureus</i>	60	61	61	60	63
Norovirus	10	14	16	20	20
Rotavirus	2	3	2	2	2
Hepatitis A-virus	0	0	0	0	0
Hepatitis E-virus	3	3	3	2	4
<i>Cryptosporidium</i> spp.	3	5	9	3	3
<i>Giardia</i> spp.	3	3	3	3	4
<i>Toxoplasma gondii</i>	13	14	13	12	13
<b>Totaal</b>	<b>178</b>	<b>194</b>	<b>200</b>	<b>199</b>	<b>202</b>



Dit is een uitgave van:

**Rijksinstituut voor Volksgezondheid  
en Milieu**

Postbus 1 | 3720 BA Bilthoven  
[www.rivm.nl](http://www.rivm.nl)

juni 2026

De zorg voor morgen  
begint vandaag