



Staat van Zoönosen 2017



Staat van Zoönosen 2017

Colofon

© RIVM 2018

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-2018-0112

Auteurs: Mathilde Uiterwijk (RIVM), Ingrid Keur (NVWA), Ingrid Friesema (RIVM), Harry Rozendaal (NVWA), Marjolijn Holtslag (WBVR), Hans van den Kerkhof (RIVM), Titia Kortbeek (RIVM) en Kitty Maassen (RIVM)

Met dank aan:

Riks Maas (WBVR), Eelco Franz (RIVM), Nedzib Tafro (NVWA), Mauro De Rosa (NVWA), Miriam Koene (WBVR), Els Broens (FD), Wilfrid van Pelt (RIVM), Marcel Spierenburg (NVWA), Roan Pijnacker (RIVM), Janneke Duijster (RIVM), Lucien van Keulen (WBVR), Fred van Zijderveld (WBVR), Marloes van Dijk (FD), Hendrik-Jan Roest (WBVR), Lapo Mughini Gras (RIVM), Adam Meijer (RIVM), Arno Swart (RIVM), Jaap Wagenaar (FD), Johan Reimerink (RIVM), Miriam Maas (RIVM), Marga Goris (AMC NRL), Daan Notermans (RIVM), Ife Slegers (NVWA), Jolianne Rijks (DWHC), Frederika Dijkstra (RIVM), Margreet te Wierik (RIVM), Edou Heddema (Zuyderland MC), Wim van der Hoek (RIVM), Marloes Heijne (WBVR), Corien Swaan (RIVM), Joke van der Giessen (RIVM), Bart Kooij (WBVR), Max Heck (RIVM), Ben Wit (NVWA), Ruth Bouwstra (GD), Menno van der Voort (NVWA), Marieke Opsteegh (RIVM), Marc Engelsma (WBVR), Ad Koets (WBVR), Erika Slump (RIVM), Engeline van Duijkeren (RIVM), Frits Franssen (RIVM), Marit de Lange (RIVM), Nancy Beerens (WBVR), Lola Tulen (RIVM), Agnetha Hofhuis (RIVM), Dik Mevius (WBVR), Dick Hederik (IRAS), Hein Sprong (RIVM), Rolf Nijse (FD), George Haringhuizen (RIVM), Barbara Schimmer (RIVM) en Margriet Montizaan (DWHC)

Contact:

Mathilde Uiterwijk, Kitty Maassen

mathilde.uitewijk@rivm.nl

kitty.maassen@rivm.nl

Dit onderzoek werd verricht in opdracht van NVWA, in het kader van project V/092330/18/ES

Publiekssamenvatting

Staat van Zoönosen 2017

Zoönosen zijn infecties die tussen dieren en mensen overgedragen kunnen worden. De zoönosen die voor Nederland van belang zijn, worden elk jaar op een rij gezet in de Staat van Zoönosen. Dit rapport geeft jaarlijks een overzicht van de trends van de zoönosen die onder andere vanwege hun besmettelijkheid moeten worden gemeld bij de GGD (als het mensen betreft) of de NVWA (dieren). Ook worden een aantal bijzondere zoönotische ontwikkelingen, onderzoeken of uitbraken belicht, en wordt een jaarlijks wisselend zoönose gerelateerd thema besproken.

Evenals in vorige jaren zijn er in 2017 bij de meeste zoönosen geen opmerkelijke veranderingen waargenomen. Bacteriële infecties die via voedsel overgedragen worden (*Campylobacter*, *Listeria monocytogenes*, *Salmonella* en STEC) zorgden ook in 2017 voor de meeste humane besmettingen. Het aantal gevallen van leptospirose is nog steeds hoog te noemen, hoewel het wederom lager was dan in het voorgaande jaar. Verder zette de stijging van het aantal patiënten met een orthohantavirus-infectie in 2017 door. Bij honden werd *Brucella canis*, dat in 2016 voor het eerst bij hen in Nederland is aangetoond, in 2017 weer bij meerdere geïmporteerde honden gevonden.

Behalve *Chlamydia psittaci* zijn er meer *Chlamydia*-soorten die zoönotische infecties bij mensen kunnen veroorzaken. Sinds 2013 is bij zes Nederlandse patiënten *Chlamydia caviae* geconstateerd, en in 2017 bij één patiënt een *Chlamydia felis*-infectie. Uit een onderzoek naar antibioticaresistentie blijkt dat ESBL-genen vooral worden overgedragen tussen mensen onderling, en minder tussen dieren en mensen. ESBL-genen kunnen enzymen maken die de bacterie ongevoelig maakt voor antibiotica, waardoor de antibiotica niet meer werken. De resistentie verspreidt zich doordat de ESBL-genen kunnen worden doorgegeven aan andere bacteriën.

Het thema van dit jaar is de integrale aanpak bij zoönosen, oftewel *One Health*. Voor de preventie, signalering en bestrijding van zoönosen is een goede samenwerking tussen verschillende disciplines van groot belang. De *One Health*-gedachte gaat ervan uit dat mens, dier en de omgeving geen gescheiden onderdelen zijn en dat ontwikkelingen bij het ene onderdeel invloed heeft op de andere onderdelen. Uitgelegd wordt hoe dit *One Health*-principe is ontstaan. Daarnaast wordt aan de hand van twee recente uitbraken van zoönosen, Seoulvirus bij ratten en *Brucella canis* bij honden, beschreven hoe de samenwerking in Nederland is georganiseerd.

Kernwoorden: zoönosen, meldingsplichtige zoönosen, trends, risico-inventarisatie, *One Health*

Synopsis

State of Zoonotic Diseases 2017

Zoonotic diseases are infections transmissible between animals and humans. This report is an annual description of zoonotic diseases relevant to the Netherlands. Included are reporting trends of notifiable zoonotic diseases, noteworthy research and case studies. This report also focuses on a specific theme related to zoonotic diseases. This year, the theme is One Health collaboration.

Similar to previous years, no noteworthy changes were observed in 2017 with regard to most notifiable zoonotic diseases. Foodborne bacteria (*Campylobacter*, *Listeria monocytogenes*, *Salmonella* and STEC) again make up the largest proportion of zoonotic infections this year. The number of cases of leptospirosis is still high, although last year's decline continues. The number of patients with an orthohantavirus-infection has increased further. In 2016, *Brucella canis* was observed for the first time in dogs in the Netherlands and again in 2017 several imported dogs tested positive for this bacterium.

Besides *Chlamydia psittaci*, several other zoonotic *Chlamydia* species exist. From 2013, six Dutch patients were diagnosed with *C. caviae* pneumonia and in 2017, one with *C. felis* conjunctivitis. Results from a research project about antibiotic resistance (ESBLAT), show that ESBL-genes are most exchanged between people, instead of between animals and humans. Bacteria containing ESBL-genes are able to produce enzymes that prevent antibiotics from working; the bacteria become resistant. The resistance spreads because the genes can be passed on to other bacteria.

The Theme of this year is 'Integrated approach of zoonoses; challenges and applications of One Health collaboration'. To signal, assess and control zoonotic infections, there is a strong need for collaboration between different disciplines, based on the principle of One Health. The central idea of One Health is that humans, animals and the environment are interconnected and influence each other. Described is how the One Health principle has evolved. In addition, two recent outbreaks of zoonoses, Seoul in rats and *Brucella canis* in dogs, show how One Health cooperation in the Netherlands is organised.

Keywords: zoonoses, notifiable zoonoses, trends, risk-analysis, One Health

Inhoud

1	Inleiding	7
1.1	Opbouw	7
2	Trends	9
2.1	Algemene demografische gegevens	9
2.1.1	Bevolking	9
2.1.2	Gezelschaps- en landbouwhuisdieren	9
2.1.3	Invoer van levende dieren en dierlijke producten	11
2.2	Meldingsplichtige zoönosen	12
2.2.1	Regelgeving over de opsporing en bestrijding van de bron van een zoönose	14
2.3	Dierziekte-vrij status	17
2.4	Antrax	17
2.5	Aviaire Influenza	18
2.5.1	Aviaire influenza bij dieren	18
2.5.2	Aviaire influenza bij mensen	19
2.6	Botulisme	19
2.6.1	Botulisme bij de mens	19
2.6.2	Botulisme bij dieren	20
2.7	Brucellose	20
2.7.1	Brucellose bij dieren	20
2.7.2	Brucellose bij de mens	21
2.8	BSE	22
2.9	<i>Burkholderia mallei</i>	22
2.10	Campylobacteriose	23
2.10.1	Humane campylobacteriose	23
2.10.2	<i>Campylobacter</i> bij dieren en dierlijke producten	26
2.10.3	Resistentieontwikkeling	27
2.11	Echinokokkose	28
2.11.1	Echinokokkose bij dieren	29
2.11.2	Echinokokkose bij mensen	30
	Hantavirus zie 2.14 Orthohantavirus	
2.12	Leptospirose	31
2.12.1	Leptospiren bij mensen	31
2.12.2	Leptospiren bij dieren	32
2.13	Listeriose	33
2.13.1	Listeriose bij mensen	33
2.13.2	<i>Listeria</i> in voedsel	34
2.14	Orthohantavirus	34
2.14.1	Orthohantavirusinfecties bij mensen	35
2.14.2	Orthohantavirus bij dieren	35
2.15	Psittacose	36
2.15.1	Humane situatie	36
2.15.2	<i>Chlamydia psittaci</i> bij dieren	38
2.15.3	Andere mogelijk zoönotische <i>Chlamydia</i> -soorten	38
2.16	Q-koorts	39
2.16.1	Humane meldingen	39
2.16.2	Q-koorts veterinaire	41
2.17	Rabiës	42
2.17.1	Rabiës bij de mens	42
2.17.2	Rabiës bij dieren	42

2.18	Salmonellose	42
2.18.1	Humane salmonellose en uitbraken	42
2.18.2	<i>Salmonella</i> bij dieren en dierlijke producten	46
2.18.3	Bronnen van besmetting	50
2.18.4	Resistentieontwikkeling	50
2.19	STEC	52
2.19.1	STEC bij mensen	52
2.19.2	STEC bij dieren en in voedsel	52
2.19.3	STEC attributie	52
2.20	Toxoplasmose	53
2.20.1	<i>Toxoplasma</i> bij mensen	53
2.20.1	<i>Toxoplasma</i> bij dieren	53
2.21	Trichinellose	55
2.21.1	<i>Trichinella</i> bij dieren	55
2.21.2	Trichinellose bij mensen	56
2.22	Tuberculose	56
2.22.1	<i>Mycobacterium bovis</i> -infecties bij de mens	56
2.22.2	<i>Mycobacterium bovis</i> -infecties bij dieren	57
2.23	Tularemie	57
2.23.1	Tularemie bij mensen	57
2.23.2	Tularemie bij dieren	58
2.24	Voedselgerelateerde uitbraken (clusters)	58
2.25	Geraadpleegde literatuur	59
3	Uitgelicht	63
3.1	Ziekteverwekkers bij wasbeer en wasbeerhond in Nederland	63
3.2	Q-koorts bij een gezin zonder eenduidige bron van infectie	64
3.3	Zes patiënten met een <i>Chlamydia caviae</i> -infectie sinds 2013	65
3.4	Een patiënt met conjunctivitis door een <i>Chlamydia felis</i> -infectie	66
3.5	ESBLAT: onderzoek naar ESBL's	66
3.6	Rauwe varkensworsten zoals cervelaat, salami en boerenmetworst geassocieerd met hepatitis E	68
3.7	Geraadpleegde literatuur	69
4	Integrale aanpak Zoönosen	71
4.1	Inleiding	71
4.1.1	Achtergrond en ontstaan van <i>One Health</i>	71
4.1.2	Definitie van <i>One Health</i>	73
4.1.3	Kansen en beperkingen van bepaalde <i>One Health</i> samenwerkingen	76
4.1.4	<i>One Health</i> internationaal	77
4.1.5	<i>One Health</i> in Nederland	78
4.2	De zoönosenstructuur in Nederland	79
4.2.1	Achtergrond	79
4.2.2	Wat is en doet het SO-Z?	80
4.3	Werkgroep Intensieve Veehouderij	82
4.4	NGS in surveillance en onderzoek van (<i>emerging</i>) zoönosen	83
4.4.1	Inleiding	83
4.4.2	NGS in surveillance en uitbraakonderzoek	83
4.4.3	NGS in onderzoek naar evolutie en verspreiding van pathogenen	84
4.4.4	NGS in bron-attributie	85
4.4.5	NGS in risico analyse	86
4.5	Verstaan wij elkaar wel?	87
4.6	Geraadpleegde literatuur	90
5	Gebruikte afkortingen	93

1

Inleiding

1.1 Opbouw

Dit jaar is een jubileumjaar voor de Staat van Zoönosen; het is namelijk de 10e uitgave. In mijn optiek iets om trots op te zijn. In de Staat van Zoönosen worden trends met betrekking tot zoönosen in Nederland gerapporteerd. De eerste Staat van Zoönosen betrof de jaren 2007 en 2008, daarna is het een jaarlijkse rapportage geworden. Door de jaren heen is de Staat van Zoönosen is een begrip geworden voor professionals die, op wat voor manier dan ook, te maken hebben met zoönosen, zoals GGD-ers, arts-microbiologen, verpleegkundigen en dierenartsen, zowel degenen werkzaam in de praktijk, maar vooral dierenartsen werkzaam bij de NVWA, WBVR, FD en KNMvD. Daarnaast zijn ook beleidsmedewerkers van de ministeries van LNV en VWS die in dit veld werken geïnteresseerd in dit overzicht. Er is sinds 2007 veel veranderd. Aan de ene kant zijn er diverse veranderingen geweest in het voorkomen van endemische zoönotische infectieziekten zoals leptospirose, en nieuwe zoönosen voor Nederland zoals tularemie (hazenpest) en tekenencefalitis (*tick borne encephalitis*, TBE). Aan de andere kant zijn er ook veranderingen opgetreden in de manier waarop wij in Nederland omgaan met nieuwe en (re)emerging zoönosen. Na de Q-koorts uitbraak werd duidelijk dat er een sterke behoefte was om bij niet-meldingsplichtige zoönosen sneller en efficiënter te signaleren, te beoordelen en, indien nodig, actie te ondernemen om

de ziekte te beheersen. Dit gold voor zoönosen die nieuw zijn voor Nederland, maar ook voor veranderingen in trends van reeds endemische zoönosen. Daarom werd de Nederlandse Zoönosestructuur in het leven geroepen. In deze humaan-veterinaire risicoanalyse structuur werken humane en veterinaire professionals samen, bij alle mogelijke stappen. Meer over deze zogenaamde ‘*One Health approach*’ is te lezen in het thema-hoofdstuk, wat deze keer gaat over *One Health*. Nationaal zijn de taken en verantwoordelijkheden belegd in deze zoönosestructuur, maar ook regionaal zijn stappen gezet. Zo zijn er diverse kennisnetwerken rondom zoönosen en zijn er regionaal veterinaire consulenten (RVC) aangesteld, die samen met de GGD en/of regionaal arts consulent (RAC) een lokale zoönose-uitbraak oppakken. Het succes van zowel nationale als regionale/lokale activiteiten ten behoeve van zoönosen-beheersing blijft afhankelijk van de signalen die van huisartsen, arts-microbiologen en dierenartsen komen. Hoewel er veel bereikt is in de humaan-veterinaire samenwerking op het gebied van zoönosen, en helaas moet daar vaak een crisis aan vooraf gaan, blijft de ambitie om de samenwerkingen verder te versterken. Naast de activiteiten om ook lokaal de samenwerking te versterken tussen huisartsen en dierenartsen (zoals bijvoorbeeld het Samedi initiatief), is er ook de wens om de samenwerking met andere disciplines te versterken zoals sociale wetenschappen, communicatiewetenschappen, klimatologie en omgevingswetenschappen

evenals architecten en planologen. Waarom? In het thema-hoofdstuk worden er een paar voorbeelden gegeven waarom ook deze disciplines een bedrage kunnen leveren aan de beheersing van zoönosen. Daarnaast worden ook nog een aantal andere *One Health* initiatieven uitgelicht, wordt het belang van NGS in surveillance en onderzoek van *emerging* zoönosen belicht en als toetje wordt ons duidelijk gemaakt waarom er makkelijk spraakverwarring kan ontstaan tussen veterinaire en humane gezondheidsprofessionals.

De Staat van Zoönosen begint in hoofdstuk 2 ('Trends') met de trends en ontwikkelingen van de meldingsplichtige zoönosen voor het jaar 2017. In hoofdstuk 3 ('Uitgelicht') worden een aantal bijzondere voorvallen uit 2017 besproken. Hoofdstuk 4 ('Thema') heeft als onderwerp dit jaar 'Integrale aanpak van Zoönosen; Haken aan en aanhaken bij *One Health*'. Om zoönosen goed en op tijd te kunnen signaleren en te kunnen bestrijden, is samenwerking nodig tussen veel verschillende disciplines en vakgebieden, die elk hun kennis en kunde inzetten. Daar is het principe van *One Health* op gebaseerd; samenwerking voor een goede aanpak van complexe vraagstukken. In het themahoofdstuk wordt ingegaan op welke samenwerkingen er zijn, wordt uitgelegd wat het *One Health* principe is en hoe het is ontstaan. Achter elk hoofdstuk is een referentielijst opgenomen waar meer informatie over het betreffende onderwerp gevonden kan worden. Ook is er een verklarende afkortingenlijst opgenomen (hoofdstuk 5).

Verantwoording

De inleiding is geschreven door Kitty Maassen (RIVM). Het rapport is samengesteld door Mathilde Uiterwijk (RIVM). Tot het redactieteam behoren, behalve Kitty Maassen en Mathilde Uiterwijk, ook Ingrid Keur (NVWA), Ingrid Friesema (RIVM), Harry Rozendaal (NVWA), Barbara Schimmer (RIVM), Marjolijn Holtslag (WBVR), Titia Kortbeek (RIVM), Hans van den Kerkhof (RIVM), Marijke van Cooten (RIVM) en Rolf Nijse (FD).

Het redactieteam heeft meegedacht, meegeschreven en/of meegelezen aan alle hoofdstukken.

Aan hoofdstuk 2 ('Trends') en 3 ('Uitgelicht') hebben bovendien bijgedragen: Riks Maas (WBVR), Adam Meijer (RIVM), Mauro De Rosa (NVWA), Marit de Lange (RIVM), Miriam Koene (WBVR), Nedzib Tafo (NVWA), Janneke Duijster (RIVM), Lucien van Keulen (WBVR), Fred van Zijderveld (WBVR), Eelco Franz (RIVM), Lapo Mughini Gras (RIVM), Arno Swart (RIVM), Jaap Wagenaar (FD), Frits Franssen (RIVM), Miriam Maas (RIVM), Barry Rockx (RIVM), Marga Goris (AMC NRL), Roan Pijnacker (RIVM), Frederika Dijkstra (RIVM), Marloes Heijne (WBVR), Marc Engelsma (WBVR), Marieke Opsteegh (RIVM), Gerard de

Vries (RIVM), Ad Koets (WBVR), Els Biesta (NVWA), Erika Slump (RIVM), Marcel Spierenburg (NVWA), Daan Notermans (RIVM), Joke van der Giessen (RIVM), Corien Swaan (RIVM), Bart Kooij (WBVR), Max Heck (RIVM), Ben Wit (NVWA), Menno van der Voort (NVWA), Wim van der Hoek (RIVM), Jolianne Rijks (DWHC), Margreet te Wierik (RIVM), Johan Reimerink (RIVM), Edou Heddema (Zuyderland MC), Els Broens (FD), Hendrik-Jan Roest (WBVR), Marloes van Dijk (FD), Ife Slegers (NVWA), Engeline van Duijkeren (RIVM), Ruth Bouwstra (GD), Nancy Beerens (WBVR), Wim van der Hoek (RIVM), Lola Tulen (RIVM), Wilfrid van Pelt (RIVM), Agnetha Hofhuis (RIVM), Margriet Montizaan (DWHC), Dik Mevius (WBVR) en Dick Hederik (IRAS).

Aan het themahoofdstuk 'Integrale aanpak van Zoönosen; Haken aan en aanhaken bij *One Health*' hebben meegelezen en/of meegeschreven: Lapo Mughini-Gras (RIVM), Ashis Brahma (GGD), Martijn Stijntjes (GGD), Eelco Franz (RIVM), Titia Kortbeek (RIVM), Bettie Voordouw (RIVM), Mauro de Rosa (NVWA), Joke van der Giessen (RIVM), Marieta Braks (RIVM) en Hein Sprong (RIVM).

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

Tot slot willen we allen die bijgedragen hebben hartelijk danken.

Geraadpleegde literatuur en referenties

One Health initiative
<http://www.onehealthinitiative.com>

Surveillance van influenza en andere luchtweginfecties
https://www.rivm.nl/Documenten_en_publicaties/Wetenschappelijk/Rapporten/2018/september/Annual_report_Surveillance_of_influenza_and_other_respiratory_infections_Winter_2017_2018

Jaarrapportage Gastro-enteritis
https://www.rivm.nl/Documenten_en_publicaties/Wetenschappelijk/Rapporten/2018/Oktober/Registratie_voedselgerelateerde_uitbraken_in_Nederland_2017

Staat van Infectieziekten
https://www.rivm.nl/Documenten_en_publicaties/Wetenschappelijk/Rapporten/2018/september/Staat_van_Infectieziekten_in_Nederland_2017

2

Trends

2.1 Algemene demografische gegevens

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

2.1.1 Bevolking

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

2.1.2 Gezelschaps- en landbouwhuisdieren

Gezelschapsdieren vormen een onderdeel van onze leefomgeving. Het is gebleken dat ze een positieve invloed hebben op de geestelijke en lichamelijke gezondheid van de eigenaar. Ruim de helft van de Nederlandse huishoudens heeft één of meerdere huisdieren. In 2015 is een studie gedaan naar het aantal huisdieren. Daarin wordt geschat dat het totaal aantal gezelschapsdieren 33,4 miljoen bedraagt. Dit zijn ongeveer 2,6 miljoen katten, 1,5 miljoen honden,

3,9 miljoen zang- en siervogels, 5 miljoen postduiven, 1,2 miljoen konijnen, 0,5 miljoen knaagdieren, 0,65 miljoen reptielen, 9 miljoen aquariumvissen en 9 miljoen vijvervissen.²

In Tabel 2.1.3 en 2.1.4 worden de aantallen agrarische bedrijven en landbouwhuisdieren weergegeven en in Tabel 2.1.5 de aantallen slachtdieren. De aantallen geslachte dieren zijn licht gedaald na jaren van stijging. Alleen het aantal slachtingen van runderen is verhoogd. Dit is een gevolg van het wegwerken van het fosfaatoverschot in Nederland dat ontstaan is na opheffing van het melkquotum. Met uitzondering van bedrijven met vleeskuikens en melk- en kalfkoeien neemt het aantal bedrijven met landbouwhuisdieren verder af, terwijl het aantal schapen, geiten en paarden in 2017 is toegenomen. De gegevens van Tabel 2.1.3 en 2.1.4 zijn afkomstig van het CBS. Voor het aantal leghennen en vleeskuikens is vanaf 2015 data van de NVWA gebruikt en in de overige jaren cijfers van CBS.

Tabel 2.1.1 Nederlandse bevolking naar geslacht en leeftijd op 1 januari 2017 (Bron: CBS)

Totale bevolking		17.081.507	%
Bevolking naar geslacht	Mannen	8.475.102	49,6
	Vrouwen	8.606.405	50,4
Bevolking naar leeftijd	0 tot 20 jaar	3.817.173	22,3
	20 tot 40 jaar	4.206.639	24,6
	40 tot 65 jaar	5.898.035	34,5
	65 tot 80 jaar	2.395.385	14,0
	80 jaar of ouder	764.275	4,5

Tabel 2.1.2 Nederlandse bevolking tot 1 januari 2017 (Bron: CBS)

Jaar	2013	2014	2015	2016	2017
Mannen	8.307.339	8.334.385	8.372.858	8.417.135	8.475.102
Vrouwen	8.472.236	8.494.904	8.527.868	8.561.985	8.606.405
Totale bevolking	16.779.575	16.829.289	16.900.726	16.979.120	17.081.507

Tabel 2.1.3 Aantal agrarische bedrijven (Bron: CBS)

Bedrijven	2013	2014	2015	2016	2017
Varkens	5.528	5.108	4.928	4.505	4.300
Runderen, totaal	30.243	29.668	28.841	26.630	26.260
Melk- en kalfkoeien	18.665	18.581	18.265	17.909	18.060
Vleeskalveren	1.781	1.714	1.910	1.860	1.570
Schapen	12.344	11.985	11.378	8.515	8.430
Geiten	3.459	3.338	3.185	2.658	2.660
Vleeskuikens	564	576	599	629	630
Leghennen	1.219	1.170	1.124	1.015	990
Paarden/pony's	12.975	12.162	11.038	8.056	8.410

Tabel 2.1.4 Aantallen dieren (x1000), aanwezig in Nederland op moment van landbouwtelling (Bron: CBS, NVWA)^a

Diercategorie	2013	2014	2015	2016	2017
Vleesvarkens	5.754	5.657	5.803	5.726	5.630
Fokzeugen	1.184	1.199	1.201	1.157	1.159
Runderen, totaal	3.999	4.068	4.133	4.245	4.069
Melk- en kalfkoeien	1.552	1.572	1.621	1.743	1.694
Vleeskalveren	925	921	909	956	953
Schapen	1.033	958	946	783	799
Geiten	412	431	470	500	533
Vleeskuikens	44.242	47.019	49.107 ^a	49.188 ^a	48.237 ^a
Leghennen*	34.687	34.779	47.682 ^a	46.209 ^a	46.442 ^a
Paarden/pony's	130	126	118	82	86

* Ouder dan 18 weken

^a Gegevens vleeskuikens en leghennen van NVWA, overig CBS**Tabel 2.1.5** Aantallen slachtdieren per jaar (x1.000) (Bron: NVWA)

Diercategorie	2013	2014	2015	2016	2017
Runderachtigen, totaal	1.958	1.959	1.955	2.096	2.164
Varkens	14.014	14.638	15.481	15.373	15.169
Schapen	550	566	746	976	942
Geiten	133	124	121	139	137
Paarden/pony's	5	4	4	4	3
Kippen, vleeskuikens	536.272	557.328	591.574	628.403	621.658

Er is een verschil in de data die gerapporteerd wordt door de NVWA en de data van het CBS. De NVWA rapporteert het totaal aantal beschikbare UBN's, terwijl het CBS de UBN's vermeld met, op het moment van de landbouwtelling, daadwerkelijk aanwezige dieren. Hierdoor kunnen de CBS cijfers afwijken van de cijfers die de NVWA rapporteert naar onder andere de EFSA en de OIE. Omdat vooral de bedrijven met dieren van belang zijn als het gaat om zoönosen, worden in de Staat van Zoönosen 2017, waar mogelijk, de cijfers uit de CBS-data gepresenteerd. De CBS-cijfers kunnen een voorlopig karakter hebben en daarom kan het zijn dat cijfers gerapporteerd in de Staat van Zoönosen van voorgaande jaren afwijken van de huidige cijfers.

2.1.3 Invoer van levende dieren en dierlijke producten

Levende dieren zoals gezelschapsdieren, wilde en exotische dieren bestemd voor dierentuinen en paarden voor de sport, worden regelmatig over de wereld vervoerd. In 2017 zijn er op de BIP Schiphol 15.638 zendingen vanuit tientallen verschillende landen buiten de EU (derde landen) voor importcontrole aangeboden (Tabel 2.1.6). Van de zendingen bestonden er 7.559 uit partijen van levende dieren en 8.079 uit producten van dierlijke oorsprong. Niet al deze dieren blijven in Nederland; een deel ervan wordt naar een ander land binnen of buiten Europa doorgevoerd. Met een derde land wordt een land bedoeld dat niet is aangesloten bij de EU.

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

Diercategorie	2015	2016	2017
Siervissen	21.360.943 (2.282)	16.590.883 (2.300)	13.270.159 (2.288)
Varkens	310 (3)		518 (17)
Paarden	2.765 (2.765)	2.738 (2.738)	3.098 (3.098)
1 dags pluimvee	1.157.432 (56)	1.889.778 (102)	1.450.500 (82)
Honden	797 (540)	802 (269)	630 (325)
Katten	326 (209)	196 (128)	192 (137)
Konijnen	3 (3)	5 (5)	11 (5)
Cavia's		5 (3)	
Fretten	4 (2)		
Rodentia (voor instellingen)	377 (38)	500 (31)	723 (53)
Insecten	3.126.380.868 (415)	4.278.417.158 (630)	5.484.312.149 (804)
Wild/exoten	184.894 (200)	217.672 (255)	146.255 (220)*

* Amfibieën en reptielen 143.808, vogels 1.641 en zoogdieren 806 dieren (apen/niet humane primaten 255; lama 345; kangoeroe 24; tijger 3; aenesrat 34; miereneter 10; pelsrob 58; bruine beer 2; jaguar 3; hyena 2; neusbeer 20; caracal 2; suikereekhoorn 44; jakhals 2 en reuzenpanda 2).

Om de kans op insleep en verspreiding van besmettelijke dierziekten in Nederland en de EU te beperken, zijn aan de import van levende dieren en dierlijke producten wetten en regels verbonden. Levende dieren moeten de EU binnenkomen op een door de EU erkende BIP. Dieren voor doorvoer (van een derde land naar een ander derde land) moeten aan de invoereisen van de EU voldoen. De importcriteria zijn gebaseerd op de Europese wetgeving en geïmplementeerd in de Nederlandse regelgeving en instructies. Bij aankomst op de BIP worden de dieren gecontroleerd door een inspecteur-dierenarts van de NVWA. In het themahoofdstuk van de Staat van Zoönosen van 2011 vindt u meer informatie over deze procedures.³ Inspecties vormen geen waterdicht systeem. Er bestaat bijvoorbeeld het risico dat dieren binnenkomen met een infectie die zich nog in de incubatietijd bevindt, waarbij er dus nog geen klinische symptomen aanwezig zijn. Een aantal zoönosen kan worden overgedragen via vectoren die niet in Europa voorkomen of kunnen overleven. Vectoren die met geïmporteerde dieren mee zouden kunnen komen, vormen een potentieel risico voor de introductie van een zoönose. Met het veranderen van het klimaat is het mogelijk dat deze vectoren in de toekomst wel in Europa kunnen overleven en ziekteverwekkers kunnen overdragen. In 2017 kwamen op Schiphol 68,4 miljoen passagiers uit de hele wereld, van of naar 322 bestemmingen wereldwijd.⁴ Illegale invoer van levende dieren of dierlijke producten via de aankomsthal komt regelmatig voor. Het gaat dan om levende dieren als honden, katten, vogels en reptielen of dierlijke producten, zoals vlees en melk. Maar ook *bushmeat*

afkomstig van in het wild levende dieren zoals vogels, reptielen en verschillende zoogdieren, verkregen door illegale jacht, wordt aangetroffen. Passagiers uit tropische gebieden van Afrika (voornamelijk West- en Centraal-Afrikaanse landen), Zuid-Amerika en Azië hebben soms de gewoonte om *bushmeat* te eten en nemen dat mee voor eigen gebruik of voor de handel. Vaak zijn deze producten onvoldoende thermisch behandeld (gedroogd en gerookt) en soms nog vers. Internationale handel in het vlees van deze dieren is verboden. Deze invoer gebeurt illegaal en brengt gevaar voor de volksgezondheid met zich mee. Voornamelijk niet-humane primaten, die evolutionair dicht bij de mensen staan, vleermuizen en knaagdieren vormen een groot risico.

2.2 Meldingsplichtige zoönosen

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

Tabel 2.2.1 Meldingsplichtige zoönosen van dier en mens

Zoönose	Gwwd	Wpg	SvZ 2017*
Antrax (miltvuur)	√ a, b, h	√	ja
Aviaire influenza	√ c	√	ja
Botulisme	-	√	ja
Brucellose	√ a, b, h	√	ja
BSE/TSE/(v)CJD	√ a, b, h	√	ja, BSE
Kwade droes (<i>B. mallei</i>)	√ b	-	ja
Campylobacteriose**	√ d	√	ja
Echinokokkose	√ d	-	ja
Leptospirose	√ e	√	ja
Listeriose	√ d	√	ja
Mers-CoV	-	√	nee, komt niet in Nederland voor
Methicilline-resistente <i>Staphylococcus aureus</i> (community cluster)	-	√	nee, zoönostische overdracht van (vee-gerelateerde-) MRSA is niet meldingsplichtig
Monkey pox (apenpokken)	√ a	-	nee, komt niet in Nederland voor
Orthohantavirusinfectie	-	√	ja
Aviaire chlamydie (psittacose, ornithose)	√ f	√	ja
Q-koorts	√ i	√	ja
Rabiës	√ a, b, h	√	ja
Rift Valley Fever	√ b	-	nee, komt niet in Nederland voor
SARS	-	√	nee, komt niet in Nederland voor
Salmonellose**	√ d, j	√	ja
SIV (<i>simian immunodeficiency virus</i> infecties)	√ a	-	nee, exotische dierziekte
STEC en andere enterohemorragische <i>E. coli</i> -infectie	-	√	ja
Toxoplasmose	√ d	-	ja
Trichinellose	√ b	√	ja
Tuberculose	√ g	√	ja
Tularemie	√ a	√	ja
Virale haemorrhagische koorts (o.a. Ebolavirus, Marburgvirus)	√ a	√	nee, komt niet in Nederland voor
Virale paardenencefalomyelitis (o.a. West Nijlkoorts)	√ b	√	nee, komt niet in Nederland voor
Voedselinfectie (cluster)	-	√	ja
Yersiniose	√ d	√	nee, komt niet in Nederland voor

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

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

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

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

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

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

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

h Meldingsplichtig (bestrijdingsplichtig) dierziekten bij nertsen

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

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

* Opgenomen in Staat van Zoönosen 2017, H2 Trends

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

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

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

in de humane als veterinaire gezondheidszorg.⁵ In de veterinaire regelgeving wordt bij de meldingsplichtige ziekten een onderscheid gemaakt tussen meldingsplichtige en bestrijdingsplichtige ziekten. Alleen in het laatste geval mag de bevoegde autoriteit maatregelen opleggen (Tabel 2.2.2). De belangrijkste reden om een ziekte bestrijdingsplichtig te maken is de noodzaak van bestrijdingsmaatregelen om gezondheidsschade bij mens en dier op korte en/of lange termijn te voorkomen. Daarnaast kunnen internationale verplichtingen aan de bestrijdingsplicht ten grondslag liggen. Artsen zijn, op basis van de Wpg, verplicht een aantal infectieziekten bij mensen te melden bij de GGD. Dierenartsen zijn, op basis van de Gwwd, verplicht een aantal dierziekten te melden bij de NVWA. Naast artsen en dierenartsen worden, afhankelijk van de wettelijke bepaling, andere betrokkenen (bijvoorbeeld dierhouders en laboratoria) verplicht melding te doen bij een verdenking en/of een bevestiging van daarvoor geselecteerde infectieziekten. Verder moeten bedrijfsartsen, maar ook andere artsen, (infectie)-ziekten die opgelopen zijn tijdens het werk melden bij het NCvB. In principe zijn alle arbeidsgelateerde zoönosen meldingsplichtig. Naast de Wpg meldingsplichtige ziekten moet het hoofd van een instelling waar kwetsbare groepen mensen verblijven (verzorgingshuis,

kinderopvang, enz.), er een melding van maken wanneer zich een ongewoon aantal patiënten voordoet met klachten waarbij een infectieziekte wordt vermoed (zoals diarree of huiduitslag).

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

In de Gezondheidswet wordt de organisatie van de zorg voor de volksgezondheid geregeld. Hierin is in artikel 36 opgenomen dat het Staatstoezicht tot taak heeft onderzoek te verrichten naar de staat van de volksgezondheid en de determinanten daarvan.⁶

Voor het humane deel zijn de inspectietaak en de bestrijdingstaak vervolgens gescheiden ondergebracht. De Wpg legt de bestrijdingstaak bij de GGD'en, inclusief het bronopsporingsonderzoek (art. 6 Wpg). Het toezicht wordt uitgeoefend door de IGJ.

In het Besluit Staatstoezicht op de volksgezondheid worden de NVWA en de IGJ aangewezen als onderdelen van het Staatstoezicht. In de Gezondheidswet zijn, onder verwijzing naar de Algemene wet bestuursrecht (Awb), tevens de bevoegdheden van het Staatstoezicht opgenomen (Tabel 2.2.3).

Tabel 2.2.3 De feitelijke toezichhoudende bevoegdheden uit de Awb

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

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

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

Dit houdt onder andere in dat de NVWA bronopsporing mag doen na verzoeken van de GGD'en indien mensen ziek zijn geworden na direct of indirect contact met dieren (contactzoönosen) of via levensmiddelen, al dan niet van dierlijke oorsprong.

Het opleggen van maatregelen als zodanig is vanuit de staatsrechtelijke functie niet mogelijk, tenzij bij de uitvoering daarvan bevindingen worden gedaan die onder de invloedssfeer van de Warenwet of de Gwdd vallen. Een voorbeeld is dat de NVWA maatregelen mag opleggen bij een positieve *C. psittaci* bevinding in vogels naar aanleiding van bronopsporing (Tabel 2.2.1). Dit geldt echter bijvoorbeeld niet voor gehouden ratten die positief zijn bevonden op het Seoul virus. In zulke gevallen kan wel artikel 47 van de Wpg van toepassing zijn (Tabel 2.2.4).

Bij de totstandkoming van de Wpg is er voor gekozen om maatregelen ten aanzien van dieren daar niet onder te laten vallen, maar deze voor te behouden aan de uitvoerder van de Gwdd, de NVWA. De enige uitzondering daarop vormen 'vectoren', dat in een recente uitleg van de minister gedefinieerd is als elk dier dat een infectieus agens kan doorgeven aan een mens. De Wpg fungeert in dezen enkel als vangnet, als de maatregelen niet of niet afdoende op grond van de Gwdd kunnen worden getroffen. Artikel 47 van de Wpg geeft behoorlijk ruime mogelijkheden om besmettelijke materialen en vectoren te beheersen of te vernietigen. In het geval van de Seoul-besmetting mogen de ratten in principe op grond van de Wpg door de GGD bestreden worden. Bestrijden kan variëren van uitvoeren van bronopsporing, risico communicatie en/of behandelen tot aan ruimen/euthanasie. In de meeste gevallen verzoekt de GGD de NVWA tot de uitvoer van de bestrijding.

De Gemeente mag onder art. 47 van de Wpg wel:

- hygiënevoorschriften geven, bijvoorbeeld waarschuwingbordjes of beschermende kleding voorschrijven, of opdragen om mest toe te dekken.
- gebouwen, vervoermiddelen of goederen ontsmetten (en vectoren vernietigen).

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

Voorts kan de Gemeente op grond van de Wpg:

- gebouwen of terreinen sluiten
- vervoer verbieden
- waren, dat wil zeggen materialen, van welke aard ook, innemen en vernietigen.

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

Wanneer de hygiënevoorschriften of andere opgelegde maatregelen niet opgevolgd worden, dan kan de IGJ op grond van artikel 67 eerste lid Wpg hechtenis opleggen van ten hoogste 6 maanden of een geldboete van de derde categorie.

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

2.3 Dierziekte-vrij status

Voor een aantal besmettelijke dierziekten kunnen landen bij de OIE de officiële vrij-status notificeren. De voorwaarden waaronder een land de officiële vrij-status voor een bepaalde ziekte kan verkrijgen variëren, maar meestal zijn minimaal een effectief surveillancesysteem en meldingsplicht voor de betreffende ziekte vereist. De gedetailleerde voorwaarden en de dierziektestatus kunnen in de database van de OIE, WAHIS, geraadpleegd worden.⁷

De systematiek van 'officieel vrij-status' is in eerste instantie ingesteld om de internationale handel in levende dieren en dierlijke (bij)producten te vergemakkelijken. Het kan voorkomen dat er dierziektegevallen zijn geweest, maar dat het land nog de 'OIE officieel vrij-status' behoudt. Bijvoorbeeld als die gevallen veroorzaakt werden door de invoer van besmette dieren uit een ander land en er geen of beperkt verdere verspreiding heeft plaatsgevonden. Hieronder staat de OIE-status voor Nederland in 2017 wat betreft de relevante zoönosen.

Aanwezige zoönosen:

- Aviaire chlamydie (*Chlamydia psittaci*)
- Echinokokkose (*Echinococcus multilocularis*)
- Hoog Pathogene Aviaire Influenza (HPAI)
- Laag Pathogene Aviaire Influenza (pluimvee) (LPAI)
- *Enzootic abortion*/chlamydie (*Chlamydia abortus*)*
- Q-koorts (*Coxiella burnetii*)
- Trichinellose (wild)**
- Tularemia (*Francisella tularensis*)

* stond abusievelijk voorgaande jaren als niet-aanwezig geregistreerd bij OIE (zie paragraaf 2.15)

** gevonden in wilde dieren (vos, wilde zwijn en wasbeerhond) in voorgaande jaren

Nooit gerapporteerde zoönosen:

- Brucellose (*Brucella melitensis*)
- Krim-Congo hemorrhagische koorts
- Equine encefalomyelitis (Westerse)
- Equine encefalomyelitis (Oosterse)
- Japanse encefalitis
- Nipah-virus encefalitis
- Ovine epididymitis (*Brucella ovis*)
- Riftal-koorts
- Salmonellose (*S. Abortusovis*)
- Trypanosomose (o.a. Chagas)
- Venezulaanse equine encefalomyelitis
- West Nijlkoorts

Afwezige zoönosen:

- Antrax/miltvuur (*Bacillus anthracis*)
- Bovine spongiforme encefalopathie (BSE)
- Bovine tuberculose (*Mycobacterium bovis*)

- Brucellose (*Brucella abortus*)
- Brucellose (*Brucella suis*) bij varkens en vee
- Echinokokkose door *Echinococcus granulosus*
- Kwade droes (*Burkholderia mallei*)
- Leishmaniasis
- Porcine cysticercose (*Taenia solium* bij de mens)
- Rabiës***

*** Het voorkomen van vleermuisrabiës (EBLV) heeft geen invloed op de OIE vrij-status

2.4 Antrax

Antrax, veroorzaakt door de bacterie *Bacillus anthracis*, komt wereldwijd voor. Hoewel in principe alle zoogdieren besmet kunnen worden, is het vooral een (per)acute, vaak fatale infectieziekte bij wilde en gedomesticeerde herkauwers. Een belangrijke eigenschap van deze bacterie is de vorming van sporen die uitzonderlijk resistent zijn tegen hitte en indroging en daardoor decennialang in de bodem kunnen overleven. Bij opname door een gastheer zullen de sporen ontkiemen, zich vermenigvuldigen en daarbij toxinen vormen met oedeemvorming, necrose van endotheelcellen en bloedingen tot gevolg. Karakteristiek bij runderen en schapen is een zeer sterk vergrote milt (vandaar de naam miltvuur). De naam antrax is afgeleid van de antracietkleurige zweer ter plaatse van de porte d'entrée bij de cutane vorm van antrax bij mensen.

In Europa is de incidentie van miltvuur bij mensen in de loop van de twintigste eeuw drastisch gedaald. Tegenwoordig komt het slechts sporadisch voor en treft dan meestal boeren of medewerkers in textiel- of wolfabrieken die in contact komen met besmette dieren of dierproducten. In Nederland is miltvuur bij mensen uiterst zeldzaam. In totaal zijn sinds 1976 (datum waar de ziekte meldingsplichtig is gemaakt) zeven gevallen van humane antrax beschreven.

Miltvuur is conform de Wpg een meldingsplichtige ziekte groep C. Het staat hoog op de lijst van potentiële biologische wapens, ondanks dat mensen relatief ongevoelig zijn voor miltvuur. Dit heeft te maken met de grote hoeveelheid infectieus materiaal waaraan mensen bij moedwillige besmetting kunnen worden blootgesteld. De poederbrieven die in 2001 in de Verenigde Staten zijn verstuurd laten dit zien. De miltvuursporen die bij het openmaken vrij kwamen leidden tot 22 besmettingen en eisten uiteindelijk vijf slachtoffers.⁸ Het ging hier ook om *weaponized* materiaal; door het toevoegen van een statische lading gedroegen antrax sporen zich als een aerosol waardoor de verspreiding gemakkelijk verliep. Ook in Nederland zijn sindsdien poederbrieven verzonden die door het RIVM op

miltvuurbacteriën worden onderzocht. In Nederland is overigens nooit *B. anthracis* in de poederbrieven aangetroffen.

De laatste Nederlandse uitbraken van antrax bij rundvee dateren uit de beginjaren negentig van de vorige eeuw. Echter, in Zuid- en Zuidoost-Europa komt miltvuur bij dieren nog steeds regelmatig voor. In de overige Europese landen komt de ziekte slechts sporadisch voor. In 2017 werd bij de OIE melding gemaakt van miltvuur in Frankrijk (rundvee), Zwitserland (rundvee), Italië (rundvee en schapen) en Roemenië (rundvee en geiten). Gevallen bij vee betreffen vrijwel altijd weidende dieren in gebieden met een geschiedenis van miltvuur die sporen via grazen opnemen.

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

In 2017 was sprake van één verdenking van miltvuur bij rundvee. In het bloed en de organen van het onderzocht rund zijn geen sporen van miltvuur aangetroffen. Daarnaast zijn in totaal 6 grondmonsters en/of botten van opgravingen onderzocht op miltvuur, alle met negatief resultaat.

2.5 Aviaire Influenza

2.5.1 Aviaire influenza bij dieren

In de verplichte monitoring en *early warning*⁹ van aviaire influenza (vogelgriep) bij commercieel gehouden pluimvee worden regelmatig laag pathogene aviaire influenza (LPAI-)virussen gevonden of antilichamen tegen deze virussen. In 2017 was dat 22 keer het geval. LPAI-virussen kunnen door middel van moleculaire technieken of bioassays van hoog pathogene aviaire influenza-virussen (HPAI) worden onderscheiden. Het onderscheid tussen hoogpathogene en laagpathogene aviaire influenza is gebaseerd op het klinisch beeld bij pluimvee.

LPAI-virussen worden in de regel door wilde vogels op gehouden pluimvee overgebracht¹⁰. Voor pluimvee met uitloop geldt dan ook een hoger risico en daardoor een hogere monitoringsfrequentie. Zoals de naam suggereert, zijn klinische symptomen bij infecties met LPAI-virussen bij pluimvee doorgaans mild. De LPAI virussen met hemagglutinine typen H5 en H7 kunnen echter naar hoog pathogene varianten muteren.

Derhalve zijn deze, net als alle HPAI-virussen, bestrijdingsplichtig bij commerciële pluimveebedrijven (zie paragraaf 2.2). De maatregelen bij een H5- of H7-LPAI-besmetting zijn dezelfde als bij een HPAI-besmetting. De maatregelen komen in hoofdlijnen op het volgende neer: het pluimvee van het besmette bedrijf wordt geruimd en voor het bedrijf gelden vervoersbeperkingen. De pluimveecontacten van het bedrijf worden getraceerd en onderzocht. Daarnaast zullen de andere pluimveebedrijven in een straal van één tot drie kilometer om het besmette bedrijf eveneens worden onderzocht. Bij besmettingen met andere LPAI-virussen dan de H5 en H7 worden door de NVWA geen maatregelen genomen. Infecties met deze virussen worden door de besmette pluimveestapel in de regel binnen enkele weken geklaard. Van bepaalde HPAI-virussen (zoals H5N1) is bekend dat ze mensen kunnen infecteren met ernstige ziekte of sterfte tot gevolg.

In november 2016 werd opvallende sterfte onder wilde vogels waargenomen in Nederland als gevolg van de introductie van het HPAI H5N8 virus. Ook in de eerste helft van 2017 werd het H5N8 virus nog aangetoond in verschillende wilde vogels. Een reassortant virus met subtype H5N5 werd aangetoond in wilde ganzen in Utrecht op 25 mei 2017. In 2017 werden geen commerciële pluimveebedrijven meer getroffen door het H5N8 virus, maar het virus werd wel nog aangetoond bij 7 hobbyhouders. Vervolgens werd op 8 december 2017 HPAI H5N6 aangetoond bij een eendenbedrijf in Biddinghuizen. De introductie van dit virus ging niet gepaard met massale sterfte onder wilde vogels, hoewel het virus wel werd aangetoond in enkele dode wilde vogels die gevonden waren rond het Veluwemeer. Het betrof zwanen en een kuifeend. Op 16 december werd het H5N6 virus aangetoond op een dierenpark bij Biddinghuizen. De analyse van het genoom van het H5N6 virus in Nederland laat zien dat dit verwant is aan het H5N8 virus uit 2016-2017. Het virus heeft door reassortment met een LPAI wilde vogel virus een nieuw gen segment (N6) verkregen. Deze analyse laat ook zien dat dit virus niet verwant is aan de zoönotische H5N6 virussen in China, die hebben geleid tot enkele humane infecties. Alle commerciële en hobbybedrijven die waren besmet met HPAI H5 werden geruimd. Daarnaast werd in 2017 een bedrijf geruimd dat besmet was met een LPAI-virus. Het betrof een leghennenbedrijven met uitloop in Sint Philipsland, waar LPAI H5N2-virus werd aangetoond naar aanleiding van een *early warning* inzending. Er zijn geen humane besmettingen bekend met de in Nederland gevonden H5N8, H5N5 of H5N6 virussen, binnen Nederland of wereldwijd.

2.5.2 Aviaire influenza bij mensen

Bepaalde LPAI-virussen kunnen ook mensen infecteren, bijvoorbeeld H7N1, H7N2, H7N9, H9N2 en H10N7. Uit verkennend literatuuronderzoek uitgevoerd in 2012 blijkt dat de ziektelast van LPAI-virussen bij mensen in het algemeen zeer beperkt is¹¹, wat bevestigd is in een latere studie¹². Uitzondering hierop is LPAI H7N9-virus dat sinds 2013 in China circuleert en sterfte veroorzaakt in ongeveer 30% van de geïnfecteerde mensen. Sinds oktober 2016 tot en met juni 2017 was er een toename van het aantal humane besmettingen met LPAI H7N9. De meeste humane gevallen werden veroorzaakt door direct contact met besmet pluimvee, er zijn geen aanwijzingen dat het transmissievermogen van het virus tussen mensen toeneemt. Na juni 2017 is het aantal humane besmettingen sporadisch in China en is er geen sprake van een nieuwe epidemie¹³. In december 2016 werd de eerste humane besmetting met HPAI H7N9 beschreven in China. Sindsdien is in het gehele jaar 2017 bij 32 mensen een HPAI H7N9 virus isolaat aangetoond¹⁴. Er zijn geen aanwijzingen dat het voor pluimvee hoog-pathogene virus een hogere pathogeniciteit of transmissiecapaciteit in mensen heeft¹⁵. Sinds juli 2017 wordt pluimvee gevaccineerd tegen HPAI H7N9¹⁶.

In het griepseizoen is er een (zeer kleine) kans op menginfecties van het humane seizoensgriepvirus en AI-virussen met als mogelijke uitkomst het ontstaan van nieuwe varianten door reassortment van genetisch materiaal. Bij reassortment vormen twee of meer influenzavirussen een nieuw subtype virus waarbij een nieuwe combinatie van viruseiwitten wordt aangemaakt. Als dit een dusdanig nieuw type is waartegen nog geen (populatie-) immuniteit bestaat, is er kans op een pandemie. Bij influenzavirussen treedt relatief gemakkelijk reassortment op, omdat het genetisch materiaal bestaat uit acht losse RNA strengen. Omdat LPAI-virussen tot milde klachten kunnen leiden, adviseert het RIVM-CIb personen die in aanraking zijn geweest met besmet pluimvee(materiaal) alert te zijn op griepachtige verschijnselen¹⁷. De GGD monitort het optreden van eventuele gezondheidsklachten en zet indien nodig diagnostiek in. Bij een vastgestelde HPAI of een sterke verdenking op HPAI op een pluimveebedrijf wordt oseltamivir profylaxe aangeboden aan werknemers en ruimers. Los van een uitbraak worden alle mensen die mogelijk beroepsmatig bij het ruimen van pluimvee betrokken zullen zijn, jaarlijks gevaccineerd met het influenza seizoensvaccin. Alleen mensen die gevaccineerd zijn mogen pluimvee ruimen in geval van een influenza-besmetting. Deze regeling is ingesteld om de kans op reassortment te beperken doordat gevaccineerde personen minder risico lopen om geïnfecteerd te worden met het seizoensinfluenzavirus. Ruimers moeten zich houden aan strikte protocollen die een uitgebreid pakket aan hygiënemaatregelen en instructies voor persoonlijke

beschermingsmiddelen (onder andere een masker, bril, haarnetje, wegwerp- overall wegwerphandschoenen en werkhandschoenen) omvatten.¹⁸ Dit om humane besmetting en mogelijke versleping van virus via kleding te voorkomen.

In Nederland zijn in 2017 vijf patiënten met luchtwegklachten bemonsterd vanwege mogelijke besmetting met het aviaire influenzavirus. Allen waren blootgesteld op een besmet pluimveebedrijf, zorgboerderij of hobbyboerderij. In de monsters van deze vijf personen werd geen aviaire influenzavirus gedetecteerd.

2.6 Botulisme

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

Meestal betreft botulisme bij mensen een 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, door uitgroei van sporen van *C. botulinum* in de darm door onvoldoende ontwikkeling van competitieve darmflora. Honing kan bacteriesporen bevatten van *C. botulinum*, wat de reden is dat honing wordt afgeraden voor kinderen jonger dan een jaar.¹⁹

2.6.1 Botulisme bij de mens

In Nederland komt botulisme bij mensen slechts zeer incidenteel voor. In de periode 2007-2017 is in totaal bij tien patiënten de diagnose bevestigd door middel van laboratoriumdiagnostiek. Dit betrof een uitbraak van botulisme type B in een reisgezelschap (2008)^{20,21}, drie individuele gevallen bij volwassenen (eenmaal in 2015 en twee in 2016)²² en drie gevallen van infantiel botulisme (eenmaal in 2007 en twee in 2012). In 2017 is materiaal van vier humane patiënten onderzocht op botulisme. Hierbij is geen BoNT of *Clostridium* aangetoond.

2.6.2 Botulisme bij dieren

Botulisme is vooral bekend van uitbraken bij watervogels, waarbij in warme zomermaanden grote aantallen dieren kunnen sterven. Het jaar 2017 was relatief rustig; botulisme werd aangetoond in 17 eenden en zwanen en één karper. Daarnaast werd materiaal onderzocht in relatie met verdenkingen onder rundvee, maar ook van paarden, pluimvee en honden. De diagnose kon met laboratoriumdiagnostiek worden bevestigd in materiaal van verdachte gevallen van botulisme bij rundvee (in één geval werd toxine type D gevonden, eenmaal het mosaïc type CD en de aanwezigheid van een neurotoxine type DC producerende stam van *C. botulinum* werd vastgesteld bij negen runderen) en pluimvee (bij vier uitbraken werd toxine type C aangetoond). Bijzonder was een inzending via de FD in verband met een verdenking van botulisme in een Spaanse dierentuin, waarbij slachtoffers onder olifanten en zebra's vielen. Zowel in levermateriaal als in ruwvoer dat aan de betreffende dieren was gevoerd werd *C. botulinum* type B aangetoond.

2.7 Brucellose

Brucellose komt wereldwijd voor; slechts enkele landen hebben brucellose in de landbouwhuisdierenpopulatie effectief bestreden. Nederland is volgens de OIE en andere officiële instanties sinds 1999 officieel vrij van brucellose.

Brucellose wordt veroorzaakt door een bacterie van het geslacht *Brucella*. *Brucella abortus* veroorzaakt brucellose bij herkauwers, voornamelijk runderen, en wordt ook wel Abortus Bang genoemd. *B. melitensis* en *B. ovis* veroorzaken brucellose bij geiten en schapen, terwijl *Brucella suis* en *Brucella canis* brucellose veroorzaken bij respectievelijk varkens en honden. Brucellose bij dieren leidt voornamelijk tot reproductiestoornissen en abortus. Bij varkens wordt ook artritis gezien en bij paarden kan brucellose tot een heel ander ziektebeeld leiden (fistels en builen aan nek en schoft). *Brucella*-soorten zijn echter niet strikt soort specifiek. Mensen zijn gevoelig voor met name *B. melitensis*, *B. abortus*, *B. suis* biovars 1 en 3, *B. canis* en in mindere mate voor *B. pinnipedi- alis* en *B. ceti*. Besmette dieren scheiden de bacterie uit in melk, urine, ontlasting, sperma, vaginale excreta en placentamateriaal. Infecties bij mensen kunnen subklinisch, acuut of chronisch verlopen. Verschijnselen zijn koorts, hoofdpijn, malaise, moeheid, zweten en gewrichtsklachten (vooral door sacro-iliitis en spondylitis). Bij chronische brucellose treden daarnaast gebrek aan eetlust en gewichtsverlies op. Complicaties die kunnen optreden zijn endocarditis, nefritis, meningoencefalitis, osteomyelitis en orchitis.²³

In 2017 registreerde de NVWA in totaal 175 meldingen van verdenking van brucellose bij landbouwdieren (Tabel 2.7.1) en wederom 6 besmettingen met *B. canis* (positieve kweek) bij honden (Tabel 2.7.2).

2.7.1 Brucellose bij dieren

2.7.1.1 Runderen

Sinds 1997 zijn er geen besmette runderen in Nederland gevonden en vanaf 1 augustus 1999 is Nederland officieel vrij van bovine brucellose. Ter bewaking van de vrij-status wordt een aantal controles uitgevoerd. Alle runderen aangeboden ter slachting worden individueel voor en na de slacht gecontroleerd. Tevens zijn veehouders verplicht bloedonderzoek uit te laten voeren door de GD bij elk rund dat verwerpt tussen dag 100 en 260 van de dracht. Dierenartsen, veehouders en laboratoria moeten een (klinische) verdenking verplicht melden aan de NVWA, die vervolgens de dieren onderzoekt. Runderen die aangeboden worden voor de export of worden ingezet voor reproductie worden vaak ook klinisch en serologisch onderzocht op brucellose. In 2017 zijn 49 verdenkingsmeldingen (alle *B. abortus*) bij rundvee afgehandeld. Alle meldingen waren negatief.

2.7.1.2 Schapen en geiten

Brucellose bij schapen of geiten is in Nederland nog nooit vastgesteld. Ter bewaking van de vrij-status wordt er een aantal controles uitgevoerd die vergelijkbaar zijn met die van bovine brucellose. De controles bij schapen en geiten zijn echter minder uitgebreid dan bij runderen. In 2017 werden 41 verdenkingen van *B. melitensis* en vier verdenkingen van *B. ovis* bij schapen en geiten afgehandeld. Ook bij deze meldingen werd bij nader onderzoek geen brucellose vastgesteld.

2.7.1.3 Varkens

Ter bewaking van de vrij-status wordt er ook bij varkens een aantal controles uitgevoerd. Hierbij horen ook de meldingen die in het kader van monitoring bij varkens door de GD worden uitgevoerd. Deze *B. suis*-meldingen worden voornamelijk gedaan door Kunstmatige Inseminatie (KI)-varkensverenigingen en varkensfokkers. De inzet van reproductiemateriaal wordt standaard onderzocht en moet vrij zijn van brucellose voordat de dieren worden ingezet voor reproductie. Beren worden gescreend voor spermawinning, zeugen wanneer er afwijkingen zijn bij de geboorte (verwerpers). Bij een verdenking wordt eerst een confirmatie van de bloedmonsters uitgevoerd door WBVR. Als deze ook verdacht is, wordt door de NVWA nogmaals bloed afgenomen van het betreffende dier en (eventueel) koppelgenoten. In 2017 waren er in totaal 81 *B. suis*-verdenkingen, maar werd bij nader onderzoek de bacterie niet aangetroffen.

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

	2012	2013	2014	2015	2016	2017
<i>B. abortus</i>	85 (0)	26 (0)	62 (0)	47 (0)	47 (0)	49 (0)
<i>B. suis</i>	123 (0)	12 (0)	112 (0)	60 (0)	75 (0)	81 (0)
<i>B. melitensis</i>	15 (0)	18 (0)	12 (0)	6 (0)	5 (0)	41 (0)
<i>B. ovis</i>	3 (0)	-	-	1 (0)	3 (0)	4 (0)
Totaal	226	56	186	114	130	175

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

	2016	2017
<i>B. canis</i>	4 (2)	13 (6)
<i>B. suis</i> biovar 1	1	0

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

Jaar	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017
Aantal meldingen	1	2	5	2	9	4	2
Opgelopen in Turkije/Irak	0/1	0/1	3/0	2/0	2/2	1/0	0/0

2.7.1.4 Honden

Eind 2016 werden voor het eerst *Brucella*-besmettingen bij honden in Nederland geconstateerd (Tabel 2.7.2).²⁴

Bij vier uit Roemenië en Bulgarije geïmporteerde honden werd serologisch een besmetting met *B. canis* aangetoond. Vervolgens zijn dierenartsen via verschillende kanalen op de hoogte gesteld van deze bevinding met het verzoek om bij een verdenking van brucellose (passende klinische verschijnselen en afkomstig uit Oost-Europa) serologisch onderzoek uit te voeren. Sindsdien zijn tot december 2017 in totaal 17 honden serologisch positief bevonden voor *B. canis*, waarbij in acht gevallen ook *B. canis* kon worden geïsoleerd. Bij drie honden is uitscheiding in de urine aangetoond. In de andere vijf honden werd *B. canis* aangetoond via bloedkweek (3), postmortaal in milt en lymfeklieren (1) en uit materiaal uit een tussenwervelschijf (1). De herkomst van de serologische positieve honden kon worden getraceerd naar Roemenië (8), Bulgarije (8) en Kroatië (1). Van de serologisch positieve honden hadden twaalf honden klinische klachten aan gewrichten en wervelkolom, soms intermitterend of met wisselende lokalisatie. Ook in andere omringende landen zijn recent honden met *B. canis* gevonden na import uit Oost-Europa.

Daarnaast werd eind 2016 eenmaal een besmetting van een hond met *B. suis* biovar 1 aangetoond. Onderzoek door WBVR, FD en de NVWA toonde aan dat deze

infectie naar alle waarschijnlijkheid is opgelopen doordat de hond werd gevoerd met rauw vlees dat geïmporteerd hazenvlees uit Argentinië bevatte. De gevonden bacteriestammen uit het geïmporteerde Argentijns hazenvlees en uit de hond zijn met elkaar vergeleken en bleken genetisch nauw verwant.²⁵

2.7.2 Brucellose bij de mens

Humane besmetting vindt voornamelijk plaats door contact met besmette dieren, het drinken van rauwe melk of andere ongepasteuriseerde zuivelproducten. In Nederland worden sporadisch gevallen van menselijke besmettingen met *Brucella* gemeld, meestal na bezoek aan het buitenland of door consumptie van rauwmelkse zuivelproducten afkomstig uit het buitenland. In 2017 zijn twee patiënten (één 45-jarige vrouw en één 51-jarige man) met brucellose gemeld in Osiris met een eerste ziekte dag in 2017 (Tabel 2.7.3). Beiden waren opgenomen in het ziekenhuis. Het betrof in beide gevallen een infectie met *B. melitensis*. Eén patiënt had de infectie in Afghanistan opgelopen via consumptie van rauwe zuivelproducten. Bij de tweede patiënt was de bron en het land van besmetting onduidelijk.

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

Jaar	Gezonde slachtrunderen		Noodslachtingen		Kadavers	
	Aantal getest	Positief	Aantal getest	Positief	Aantal getest	Positief
2013	14.285*	0	4.619	0	43.041	0
2014	88	0	4.394	0	43.857	0
2015	196	0	4.879	0	45.716	0
2016	14	0	5.385	0	49.173	0
2017	36	0	5.197	0	41.888	0

* In februari 2013 is gestopt met het testen van gezonde slachtrunderen.

2.8 BSE

BSE (bovine spongiforme encefalopathie) is een infectieziekte die voorkomt bij rundvee en behoort tot de groep van 'overdraagbare spongiforme encefalopathieën' (Engels: *transmissible spongiform encephalopathies*, TSE's) of prionziekten. De encefalopathie wordt veroorzaakt door afwijkend gevouwen prionen, waardoor microscopisch kleine gaten in de hersenen ontstaan (spongiform).²⁶ Spongiforme encefalopathieën kennen over het algemeen een (zeer) lange incubatietijd. Het is zo goed als zeker dat er een verband bestaat tussen BSE en het ontstaan van een variant van de ziekte van Creutzfeldt-Jakob (vCJD) bij de mens. Variant CJD werd voor het eerst beschreven in 1996 in Groot-Brittannië.²⁷

Wereldwijd zijn er 231 (tot en met maart 2018) mensen overleden aan vCJD, waarvan 178 tijdens een grote epidemie in 1995-2016 in het Verenigd Koninkrijk en 27 in Frankrijk.²⁸ In 2016 is tot nu toe het laatste geval van vCJD gemeld in het Verenigd Koninkrijk.²⁹ In Nederland zijn drie mensen overleden ten gevolge van vCJD; het laatste geval dateert van 2008. Door import van besmette koeien en besmet diermeel is BSE waarschijnlijk al aan het eind van de jaren tachtig in Nederland geïntroduceerd.

BSE is in Nederland een meldingsplichtige ziekte sinds 29 juli 1990 (zie paragraaf 2.2). Dierenartsen en veehouders zijn verplicht om dieren met verschijnselen van BSE te melden aan de NVWA. Deze meldingsplicht is de pijler van het zogenaamde passieve surveillancesysteem. Daarnaast kunnen dieren met verschijnselen worden gevonden bij de slachtkeuring op slachthuizen door medewerkers van de NVWA. Deze dieren worden vervolgens naar het WBVR-NRL vervoerd, waar een definitieve diagnose wordt gesteld.

Een actief surveillancesysteem is vanaf eind 2000 ingevoerd waarbij aanvankelijk alle gezonde slachtrunderen, in nood

geslachte runderen en gestorven runderen op BSE werden getest. Gezien de gunstige situatie is begin 2013 gestopt met het testen van gezonde slachtrunderen in een groot aantal Europese lidstaten, waaronder Nederland. Wat betreft de noodslachtingen en kadavers worden nog steeds alleen dieren ouder dan 48 maanden getest. Van 1997 tot en met 2017 zijn in totaal 88 gevallen van BSE vastgesteld bij Nederlandse runderen. In 2010 waren de laatste drie gevallen van BSE; bij één slachtrund en twee kadavers.

Vanaf 2010 zijn er geen gevallen meer vastgesteld (Tabel 2.8.1). Voor Nederland geldt in 2017 nog steeds de meest gunstige risicostatus volgens de OIE en de EU; een verwaarloosbaar BSE-risico.

2.9 *Burkholderia mallei*

Kwade droes of malleus (Engels: *glanders*), veroorzaakt door *B. mallei*, is een wettelijk bestrijdingsplichtige ziekte van paarden en paardachtigen, zoals ezels en muilieren. Andere diersoorten, zoals kamelen, zijn ook gevoelig. Besmette dieren kunnen binnen enkele weken sterven, maar de ziekte kan ook chronisch worden waarbij de bacteriën jarenlang kunnen worden verspreid. Ook mensen kunnen geïnfecteerd raken met de bacterie, hoewel dat zelden voorkomt. Zonder tijdige antibioticumbehandeling kan de ziekte levensbedreigend zijn. Kwade droes komt in Nederland niet meer voor, maar is nog wel endemisch in landen van Zuid-Amerika, het Midden-Oosten en Azië. Wanneer paarden vanuit deze gebieden naar Nederland geïmporteerd worden, moeten zij vergezeld zijn van gezondheidscertificaten. Ook bij export van paarden vanuit Nederland wordt over het algemeen een vrijverklaring gevraagd gebaseerd op laboratoriumdiagnostiek (serologie). In 2017 zijn geen gevallen gerapporteerd van malleus bij paarden of mensen.

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

	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017
Laboratorium-bevestigde gevallen	3.401	3.462	3.340	3.781	4.322	4.415	4.248	4.199	4.168	3.780	3.313	2.890
<i>Campylobacter</i> spp. gevallen / 100.00 inwoners	40,0	40,7	39,2	44,1	50,2	50,9	48,8	48,0	47,4	42,8	37,3	32,3
Geteste feces / 100.000 inwoners	1.128	1.088	1.210	1.265	1.368	1.413	1.412	1.412	1.519	1.704	1.754	1.702
Uitbraken (#gevallen)	5(13)	10(23)	8(26)	12(34)	17(66)	16(70)	14(70)	14(79)	5(11)	9(43)	9(65)	5(12)

Tabel 2.10.2 Geschatte ziektelast in DALY en COI voor *Salmonella* en *Campylobacter*

	<i>Campylobacter</i>			<i>Salmonella</i>		
	2015	2016	2017	2015	2016	2017
Algemene bevolking	88.580	78.970	67.260	27.370	32.210	27.440
Huisarts bezoek	21.490	19.250	16.350	4.130	4.880	4.130
Ziekenhuis opname	1.100	1.053	1.075	1.099	1.021	1.059
Sterfte	65	57	49	28	32	34
DALY (Totaal)	4.025	3.573	3.074	1.181	1.389	1.239
DALY (Voedsel)	1.691	1.501	1.291	643	757	675
COI (M€, Totaal)*	71	64	55	19	21	19
COI (M€, Voedsel)*	30	27	23	11	12	11

* verdisconteerd met 4%; uitgedrukt in de waarde van de Euro in 2017. M€= miljoen Euro

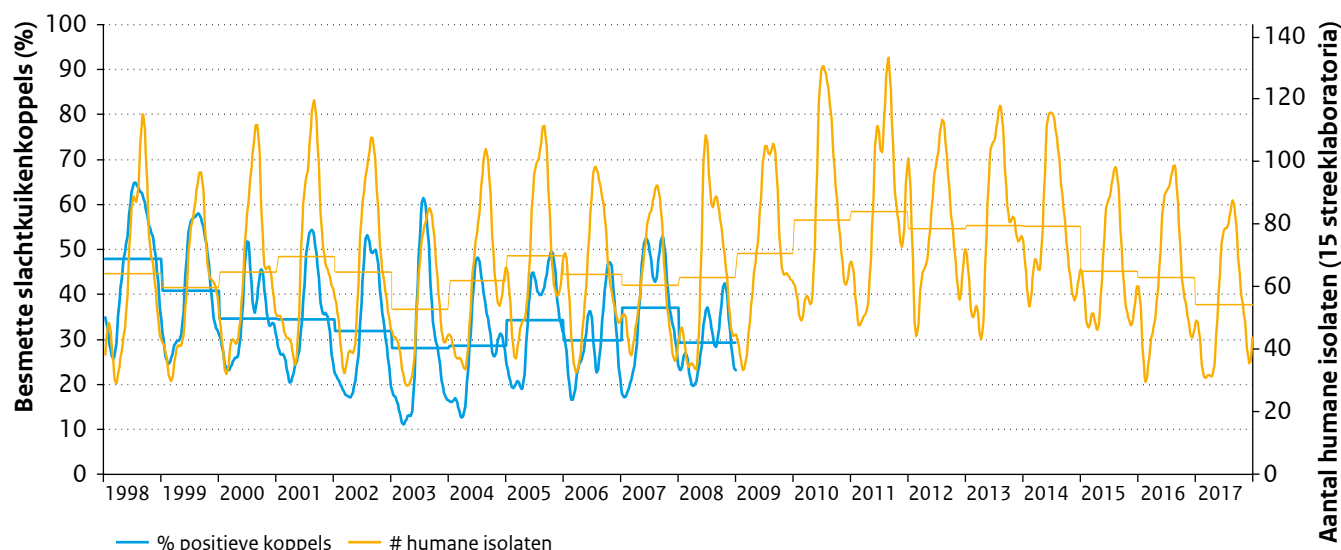
2.10 Campylobacteriose

Campylobacter spp. zijn een veel voorkomende oorzaak van maagdarminfecties. Infecties worden met name opgelopen door inname van besmet voedsel of water of contact met (feces van) besmette dieren. Kruisbesmetting door onvoldoende keukenhygiëne, vooral met rauwe kip(-producten), is een belangrijke oorzaak van het besmet raken van rauw te consumeren voedsel. Het merendeel van de infecties verloopt asymptomatisch. Als er wel ziekteverschijnselen optreden, is dit met name door de ontstane 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 post-infectie reactieve artritis en Guillain-Barré syndroom (auto-immune reactie tegen perifere zenuwen).³⁰

2.10.1 Humane campylobacteriose

Incidentele gevallen van humane campylobacteriose zijn, in tegenstelling tot in diverse andere Europese landen, in Nederland niet meldingsplichtig (zie paragraaf 2.2). Campylobacteriose is hier alleen meldingsplichtig indien het een humaan cluster van twee of meer gerelateerde gevallen betreft met een vermoedelijke oorsprong in consumptie van besmet voedsel of drinkwater. Inzicht in de trend van campylobacteriose wordt verkregen via de laboratoriumsurveillance die door het RIVM-CIB sinds eind jaren negentig wordt uitgevoerd, met een geschatte dekkingsgraad van 52% van de Nederlandse bevolking (voor laboratorium-bevestigde campylobacteriose). Na 2011 daalde in deze laboratoriumsurveillance het aantal humane infecties met *Campylobacter* gestaag (Tabel 2.10.1) terwijl er in de jaren ervoor juist sprake was van een stijging. Er zijn aanwijzingen dat de stijging tot in 2011 en de kentering in 2012 samenhangt met de sterke stijging en

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



daaropvolgende daling van het gebruik van maagzuurremmers in die periode.³¹ De vraag is echter of daarmee ook de substantiële doorgaande daling in de afgelopen paar jaar kan worden verklaard. Inderdaad vond de stijging voor 2011 en de daling daarna vooral plaats bij volwassenen. Tegelijkertijd nam de incidentie bij kinderen tot 20 jaar in de afgelopen 20 jaar gestaag af. Aan veranderingen in de diagnostiek kan het niet liggen: het aantal geteste feces monsters voor onderzoek naar enteropathogenen is in de afgelopen tien jaar juist sterk toegenomen (Tabel 2.10.1). Ook zijn er in de afgelopen 20 jaar geen verschuivingen waargenomen in de speciesverdeling: jaarlijks is ongeveer 92% van de isolaten *C. jejuni*, 7% *C. coli*, 1% *C. lari* en <1% overige species.

In 2017 werd het laagste aantal laboratorium bevestigde gevallen van campylobacteriose gevonden sinds het begin van de registratie in 1993. Het was zelfs lager dan in 2003 ten tijde van de vogelpest.³² Naar schatting waren er landelijk 5.557 (6.371 in 2016 en in 2011 nog 8.490) gevallen van campylobacteriose, gebaseerd op de 2.890 meldingen in de laboratoriumsurveillance van de voormalige streeklaboratoria met een dekkingsgraad van 52% (Tabel 2.10.1). Het aantal gerapporteerde uitbraken en in nog sterkere mate het aantal betrokken zieken, was in 2017 evenals in 2014 opmerkelijk laag in vergelijking met andere jaren.³³

Het aantal gevallen van acute gastro-enteritis door *Campylobacter*-infecties in de Nederlandse bevolking in 2017 wordt geschat op 67.260 (78.970 in 2016 en 88.580 in 2015). Naar schatting resulteerden deze ziektegevallen

(inclusief chronische complicaties) in 3.074 verloren gezonde levensjaren (DALY's); de COI zou in 2017 neerkomen op € 55 miljoen.³⁴ In Tabel 2.10.2 worden onder andere de DALY's en COI van *Campylobacter* vergeleken met die van *Salmonella*. De DALY en COI van *Campylobacter* en het aantal gevallen van acute gastro-enteritis zijn ongeveer drie keer zo hoog als van *Salmonella*; het aandeel ziekenhuisopnames is vergelijkbaar met *Salmonella*. Voor *Campylobacter* wordt geschat dat ongeveer een derde van de infecties direct via voedsel komt. Voor *Salmonella* is dit bijna 80%. Andere manieren om infecties op te lopen zijn buitenlandse reizen, door milieucontact en persoon-persoon overdracht.

De fractie reis-gerelateerde *Campylobacter*-infecties is in de afgelopen jaren toegenomen. Vóór 2013 werd deze geschat op 12 tot 14% en daalde in 2014 tot 8%. In 2016 was het naar schatting 18% en in 2017 zelfs 21%. Het is niet duidelijk waar deze stijging (ook in het absolute aantal meldingen van reis-gerelateerde campylobacteriose) door veroorzaakt wordt. Mogelijk dat de digitalisering van de registratie met ingang van 2016 het melden van een relatie met reizen heeft verbeterd. In 2017 bezocht bijna 32% van de laboratorium-bevestigde gevallen een arts-specialist, vergelijkbaar met voorgaande jaren (ongeveer 30%), behalve in 2014 (40%). De vermelding van arts-specialist als de inzender is een proxy voor het deel wat in het ziekenhuis wordt opgenomen, maar is wat lager indien wordt nagevraagd bij de patiënt. Dat navragen is voor het laatst gebeurd bij het patiënt-controle onderzoek in 2002-2003.³⁵

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

	2011		2012		2013		2014		2015		2016		2017	
	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +
Kip (vers)	609	22,8	566	38,2	602	31,6	589	27	597	34,5	207	37,2	233	34,8
Kip (bereiding)	561	4,3	672	12,2	598	11,2	635	15,4	683	20,9	268	19,8	255	30,2
Kalkoen (vers)	-	-	-	-	-	-	41	14,6	82	18,3	184	12,5	40	17,5
Kalkoen (bereiding)	-	-	-	-	-	-	9	0	12	8,3	67	4,5	12	25,0
Rund en Kalf	744	0,3	626	0,5	427	0,7	409	0,5	475	0,4	497	1,0	507	1,0
Varken	873	0,3	928	0,2	686	0,4	744	0,3	774	0,5	270	0,0	280	0,4
Lam	90	2,2	312	2,2	52	5,7	29	3,4	49	2,0	110	8,2	183	6,6
Schaap	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	28	10,7	5	0,0
Geit	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	26	7,7	8	0,0
Melk (melktaps)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	36	0,0	-	-

n: aantal geteste monsters

%+: percentage positieve monsters

2.10.1.1 Bronnen van besmetting

Er zijn diverse artikelen geschreven over arbeids-gerelateerde *Campylobacter*-infecties, waaruit blijkt dat medewerkers van pluimveehouderijen³⁶, pluimveeslachterijen³⁷ en fazantenboerderijen³⁸ een hogere kans lopen geïnfecteerd te worden.

Nederlandse bronattributiestudies, gebruikmakend van moleculaire typering, schatten dat de humane gevallen van campylobacteriose in 2002-2003 en 2010-2011 voor 60-70% kunnen worden toegerekend aan pluimvee, en voor 20-25% aan rund.³⁹ Dit betreft wel de som van alle mogelijke transmissiewegen en niet alleen consumptie van besmet voedsel. De gecombineerde bronattributie en patiënt-controle analyses schatten dat maximaal 40% van de humane gevallen is geassocieerd met het bereiden en/of consumeren van kippenvlees.^{35,39} Dat suggereert dat veel aan pluimvee gerelateerde *Campylobacter*-stammen mensen infecteren via andere routes, zoals het milieu. Voor de uitstoot van pluimveebedrijven en reservoirs zoals wilde vogels blijkt het milieu een belangrijke transmissieroute voor *Campylobacter*.⁴⁰ Daarnaast zijn er sterke aanwijzingen dat *Campylobacter*-infecties via het milieu ook afkomstig kunnen zijn uit leghennen.³² Inderdaad wordt *Campylobacter* vaak gevonden in oppervlaktewater, wat een aanwijzing is voor een recente besmetting met dierlijke mest en/of rioolwater. Recent is de oorsprong onderzocht van de *C. jejuni* en *C. coli*-stammen die in oppervlaktewater zijn gevonden in Luxemburg en Nederland.⁴⁰ Bronattributie modellen schatten dat veruit de meeste Luxemburgse stammen konden

worden toegeschreven aan wilde vogels, gevolgd door pluimvee. In Nederland werden veruit de meeste stammen juist toegeschreven aan pluimvee, gevolgd door wilde vogels. Herkauwers en vooral varkens speelden een ondergeschikte rol.

De geografische variatie in de relatieve bijdrage van pluimvee correleerde met de omvang van pluimveedichtheid op regionaal niveau. De verspreiding van *Campylobacter*-stammen van pluimveebedrijven en slachthuizen richting het milieu lijkt dus aanzienlijk te zijn in pluimvee-rijke regio's. In 2017 startte het RIVM, in samenwerking met UU, WBVR en Wageningen Environmental Research, een ZonMw- gefinancierd onderzoeksproject naar non-alimentaire bronnen van *Campylobacter*-infecties in Nederland. Met behulp van microbiologische, moleculaire (WGS) en epidemiologische methoden, zal dit project de oorsprong en verspreiding van *Campylobacter* in het milieu onderzoeken. Daarnaast zal het project de bijdrage van het milieu aan campylobacteriose kwantificeren en zullen transmissieroutes beter in kaart gebracht worden. Uiteindelijk zal dit project aanknopingspunten bieden voor alternatieve (niet-voedsel gerelateerde) interventiestrategieën. Meer inzicht in de alimentaire route wordt daarnaast verkregen in de monitoringsprojecten van de NVWA in levensmiddelen waar ook naar *Campylobacter* wordt gezocht. Sinds 2016 worden de gevonden *Campylobacter*-isolaten systematisch verzameld en zoveel mogelijk met WGS gekarakteriseerd.

2.10.2 *Campylobacter* bij dieren en dierlijke producten

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

2.10.2.1 *Surveillance van pluimvee bij de slacht*

De *Campylobacter*-monitoring van PVE vindt sinds 2009 niet meer plaats en is vervangen door een monitoringsprogramma van karkassen en kipfilets in de slachterij. Deze monitoring werd tot en met 2012 uitgevoerd in het kader van een convenant tussen VWS en NEPLUVI en was primair gericht op het bepalen van de variatie in besmettingsgraad (concentratie) en de hiervoor verantwoordelijke risicofactoren.^{41,42} Na afloop van het convenant is de bemonstering voortgezet, en sinds 1 maart 2014 is er op vrijwillige basis een privaat proceshygiëncriterium (PHC) ten aanzien van de besmetting van karkassen geïmplementeerd in pluimveeslachterijen.⁴³

Bij deze systematiek wordt verondersteld dat er een verband is tussen besmettingsniveaus van pluimveevlees (dus aantallen organismen, in plaats van percentage besmet vlees) en het humane gezondheidsrisico. Het zijn vooral – maar niet uitsluitend – de zeldzamere hoge besmettingsniveaus die tot ziekte leiden. Modelberekeningen laten zien dat een proceshygiëncriterium efficiënt kan zijn om zulke hoge niveaus te detecteren.⁴¹

Per 1 januari 2018 is een Europees proceshygiëncriterium in werking getreden.⁴⁴ In de nieuwe EU-wijde systematiek selecteert iedere slachterij wekelijks één koppel. Per bemonsteringsmoment moeten 5 mengmonsters worden gemaakt, van drie nekvelen per mengmonster. Deze nekvelen moeten uit verschillende momenten van binnenkomst van het koppel genomen worden, zodat niet toevallig een aantal laag besmette karkassen worden bemonsterd die achter elkaar in de lijn zitten (bijvoorbeeld aan het begin van het koppel). Het PHC schrijft voor dat in een periode van 10 weken niet meer dan 5 pools van de 50 boven de kritische grens van 1000 cfu/g mogen komen. Aanvullend worden van ieder koppel 10 blindedarmen gepoold in 1 mengmonster ter analyse. Wanneer het PHC overschreden wordt verzoekt de NVWA de slachterij om een verbeterplan op te stellen om de hygiëne te verbeteren. Het is momenteel lastig om iets te zeggen over een trend, omdat de bemonsteringsmatrix medio mei 2017 overgegaan is van borstvel naar nekvel (wat typisch hoger besmet is). Resultaten van de bemonstering worden gepubliceerd op de NEPLUVI website.⁴²

2.10.2.2 *Surveillance van dierlijke producten in de detailhandel*

Het percentage partijen vers kippenvlees, dat door NVWA bemonsterd is in de detailhandel en dat *Campylobacter* bevat, varieert behoorlijk tussen 2011 en 2017 (23–38%). Het percentage is hoog, ook in 2017, maar heeft over de afgelopen 18 jaar geen duidelijke stijgende of dalende trend (Tabel 2.10.3, laatste zeven jaar). Ook lijkt er geen correlatie te zijn met het aantal bevestigde humane *Campylobacter*-infecties wat na een stijging tot 2011 alweer met 35% is gedaald (Figuur 2.10.1 en Tabel 2.10.1). Deels kan dat verklaard worden doordat kip ‘slechts’ in circa 40% de directe oorzaak is van humane voedsel-gerelateerde *Campylobacter*-infecties³⁴. Meer dan de helft van de humane *Campylobacter*-infecties worden via andere routes en/of levensmiddelen opgelopen.³⁸ Bij bereidingen van kip wordt *Campylobacter* in een significant lager percentage van de partijen gevonden ten opzichte van vers pluimveevlees. De lagere percentages kunnen verklaard worden doordat bereidingen van pluimveevlees een intensievere bewerking ondergaan dan vers pluimveevlees en toevoegingen bevatten (zout/kruiden) waardoor *Campylobacter* mogelijk afsterft. In 2017 lijkt hierop echter weer een uitzondering te zijn met een hoog besmettingspercentage. In rauw vlees anders dan pluimveevlees wordt veel minder, maar zeker niet verwaarloosbaar, *Campylobacter* gevonden (Tabel 2.10.3). Vlees van schapen en geiten werden in 2017 nauwelijks bemonsterd.

Behalve monitoringsprogramma's naar pathogenen in pluimveevlees en roodvlees, worden incidenteel vlees van andere diersoorten en andere dierlijke producten door de NVWA onderzocht. Omdat de consumptie van rauwe melk regelmatig in verband wordt gebracht met acute gastro-enteritis, zijn in 2016 proefsgewijs 36 melkmonsters van zogenaamde melktaps onderzocht. In geen van deze melkmonsters werd *Campylobacter* aangetroffen. In 2017 is hier niet naar gekeken.

2.10.2.3 *Surveillance Landbouwhuisdieren project*

In het kader van het gezamenlijke RIVM-NVWA project ‘Surveillance Landbouwhuisdieren’ zijn in 2015 legpluimvee bedrijven bezocht. In mest van 82% van de bedrijven werd *Campylobacter* gevonden. In 2016 zijn melkproducerende geiten- en schapen- bedrijven bezocht. Mest van deze bedrijven werd onderzocht op verschillende pathogene micro-organismen waaronder thermofiele *Campylobacter* en *C. fetus*. Op 36% van 66 geiten- en 96% van 14 schapenbedrijven werd thermofiele *Campylobacter* aangetoond. Het project was in 2017 gericht op bedrijven met vleesrunderen anders dan kalveren. In de stal of weides werd mest verzameld en onderzocht, gemiddeld 6 monster per bedrijf. Bij 84% van de bedrijven (n=196) werd *Campylobacter* gevonden. Op monsterniveau (n=1147) was dit 57%.

2.10.3 Resistentieontwikkeling

De MARAN-rapportage over 2017 beschrijft de toenemende resistentie in *Campylobacter* isolaten tegen verschillende soorten antibiotica.⁴⁵ Humane *Campylobacter* isolaten uit de streeklaboratoria vertonen sinds 1992 een geleidelijke stijging in resistentie tegen fluoroquinolonen (norfloxacin, ofloxacin en ciprofloxacin). Deze stijging verliep tussen 2012-2017 wat trager en ligt rond 60% (Tabel 2.10.4). Eenzelfde verloop wordt gevonden voor tetracycline, op een lager niveau,

maar met een toename van circa 25% in 2011 naar 35-42% tussen 2012-2016 en een toename tot 47,6% in 2017. Resistentie tegen macroliden (zoals erythromycine: eerste keuzemiddel bij *Campylobacter*-infecties) ligt al lang op een laag niveau en toont nauwelijks verandering. Resistentie is doorgaans meer voorkomend bij reis-gerelateerde infecties dan bij endemische infecties en ook meer bij *C. coli* dan bij *C. jejuni*.

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

	2013-2017							
	Endemisch				Reisgerelateerd			
	<i>C. jejuni</i>		<i>C. coli</i>		<i>C. jejuni</i>		<i>C. coli</i>	
	n	R%	n	R%	n	R%	n	R%
Fluorquinolonen	13.673	58,7	970	63,1	952	76,7	111	75,7
Tetracycline	9.259	41	625	62,2	584	58,4	64	65,6
Erythromycine	11.956	2	802	13,7	858	3,7	102	32,4

	<i>Campylobacter</i> spp.							
	2006/11	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017
	R%	R%	R%	R%	R%	R%	R%	R%
Fluorquinolonen	50,5	57	59,4	57,6	60,7	61,4	58,4	61,6
Tetracycline	21,7	25,5	35,4	38,5	33,3	42,2	42,3	47,6
Erythromycine	2,8	3,7	3	3,2	3,3	2,9	2,7	3,5

n: aantal geteste monsters

R%: percentage resistente isolaten

Tabel 2.10.5 Resistentie (%) van *C. jejuni* en *C. coli* in feces monsters van slachtkuikens, kippenvlees, rund en varken in 2017 (Bron: MARAN)

	<i>Campylobacter jejuni</i>			<i>Campylobacter coli</i>		
	Slachtkuikens	Kippenvlees	Rund	Slachtkuikens	Kippenvlees	Varken
	n=157	n=77	n=90	n=50	n=36	n=83
Ciprofloxacin	67,5	64,9	23,3	78,0	94,4	15,7
Nalidixine zuur	66,2	62,3	25,6	78,0	94,4	15,7
Erythromycine	0,0	0,0	1,1	16,0	16,7	6,0
Gentamycine	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Streptomycine	0,0	2,6	1,1	8,0	11,1	73,5
Tetracycline	59,2	55,8	17,8	80,0	69,4	88,0

Tabel 2.10.5 laat zien dat resistentiepercentages voor *C. jejuni* bij in Nederland geproduceerd pluimvee vergelijkbaar zijn met die bij mensen.⁴⁵ Voor runderen zijn de percentages aanzienlijk lager. Erythromycine resistentie wordt bij landbouwhuisdieren vrijwel niet gevonden. Bij *C. coli* van pluimvee zijn de percentages net als bij de mens ook hoger dan voor *C. jejuni* maar nog geprotonceerder. Met 7% campylobacteriose veroorzaakt door *C. coli* in de afgelopen 20 jaar, lijken deze cijfers minder van belang voor de volksgezondheid.

Aan de slachtlijn werden in 2017 ten behoeve van de AMR monitoring⁴⁵ in totaal 600 ceca onderzocht afkomstig van unieke koppels Nederlandse vleeskuikens. De monsters werden door de NVWA aan de slachtlijn verzameld en bij het WBVR onderzocht. In deze 600 ceca is in totaal 157 keer *C. jejuni* (= 26,2%) en 50 keer *C. coli* (= 8,3%) gevonden. De AMR cijfers staan in Tabel 2.10.5.

2.11 Echinokokkose

Echinokokkose is een parasitaire zoönose veroorzaakt door het larvale stadium van kleine lintwormen, die behoren tot het geslacht *Echinococcus*. Er zijn vier verschillende *Echinococcus*-soorten bekend: *E. granulosus* (kleine hondenlintworm), *E. multilocularis* (vossenlintworm), *E. oligarthrus* en *E. vogeli*. Alle *Echinococcus*-soorten hebben carnivoren als eindgastheer. In Europa zijn *E. granulosus* en *E. multilocularis* van belang. *E. granulosus* is een lintworm (2 tot 7 mm groot), die voorkomt in de dunne darm van honden. *E. multilocularis* is een lintworm (1,5 tot 4,5 mm groot), die voorkomt in de dunne darm van carnivoren, zoals vossen, wolven, wasbeerhonden, maar ook honden en katten. Carnivoren zijn eindgastheer, dat wil zeggen dat zij het volwassen stadium van de lintworm in de darm hebben. In de feces kunnen eieren worden gevonden. Kleine knaagdieren zijn gewoonlijk de tussengastheren van *E. multilocularis* en

(kleine) herkauwers van *E. granulosus*. Echter, mensen kunnen bij beide lintwormen ook tussengastheer zijn en zijn dan geïnfecteerd met het larvale stadium, de blaasworm.⁴⁶ De incubatietijd van beide lintworminfecties is lang – gemiddeld tien jaar – tenzij de patiënt immuungecomprimeerd is. De ziekte die de *Echinococcus*-lintwormen veroorzaken hebben meerdere namen, zoals hydatidosis, echinokokkose of *cystic echinococcosis* (Engels). Bij *E. granulosus*-infecties bij mensen ontstaan één of meerdere cysten bestaande uit met vocht gevulde blazen in de lever, longen of soms andere organen (cysteuze echinokokkose). Bij een deel van deze cysten zijn schotten zichtbaar en zijn er dochtercysten. De cysten kunnen erg groot worden (> 20 cm) en mechanische klachten geven door verdringing van andere organen. Bij het openbreken van een cyste kan een anafylactische shock ontstaan en verspreidt de infectie zich in de buikholte of andere organen. *E. multilocularis*-infecties bij mensen presenteren zich heel anders: daarbij begint de larve bijna altijd in de lever en groeit als een gezwel door de lever naar andere organen (alveolaire echinokokkose). Er is meestal geen sprake van een cyste, maar een lesie die sterk aan kanker doet denken, met verkalkingen, necrose, holtes enzovoorts. Afhankelijk van de locatie van de uitbreiding kunnen er klachten ontstaan (doorgroei in longen, bloedvaten of zenuwen). *E. vogeli* en *E. oligarthrus* komen vooral in Latijns-Amerika voor. Van *E. oligarthrus* zijn verschillende eindgastheren, waaronder de poema (*Puma concolor*), bekend. Er zijn wereldwijd slechts enkele patiënten met een *E. oligarthrus* (unicysteuze echinokokkose) beschreven. De eindgastheer van *E. vogeli* is de boshond (*Speothos venaticus*) en de klinische presentatie een polycysteuze lesie. In 2013 werd de eerste importpatiënt in Nederland, afkomstig uit Suriname, beschreven met een *E. vogeli*-infectie.⁴⁷

Tabel 2.11.1 Echinokokkose bij dieren, aantal positieve en geteste dieren (Bron: NVWA, GD, RIVM)

Jaar	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017
Runderen (NVWA/RIVM)	-	0/1	0/1	0/1	40 [#] /42	0/1	-
Runderen (GD)	-	-	-	-	-	-	-
Geiten (GD) [^]	0/214	-	-	-	-	-	-
Schapen (GD) [^]	0/564	-	-	-	-	-	-
Schapen (NVWA/RIVM)	-	-	0/1	0/1	-	0/1	0/1
Paard (NVWA/RIVM)	1 ^{\$} /1	-	-	-	-	-	-
Honden	-	-	-	0/142	-	-	-
Vossen	1 [*] /165	0/3	22 [*] /37	-	-	-	-
Wasbeerhonden	-	-	-	-	0/7	-	1 [*] /14

E. granulosus G₁+ *E. granulosus* G₃\$ *E. granulosus* G₄* *E. multilocularis*[^] Resultaten van pathologisch onderzoek.

2.11.1 Echinokokkose bij dieren

2.11.1.1 *E. granulosus*

Echinokokkose bij dieren (Tabel 2.11.1) is meldingsplichtig maar niet bestrijdingsplichtig (Tabel 2.2.1). Honden en hondachtigen zijn de eindgastheer van deze parasiet, maar als tussengastheer komt het blaaswormstadium voor bij verschillende soorten landbouwhuisdieren, zoals het rund, schaap en varken. Door het ontbreken van klinische verschijnselen bij landbouwhuisdieren en geen beschikbare diagnostiek aan het levende dier, ligt de focus van bewaking en beheersing in de slachtfase. Blaaswormen bevinden zich bij runderen meestal in de lever, de longen of in beide organen. Detectie is afhankelijk van inspectie en palpatie tijdens de slacht. Wanneer bij slachtdieren een *Echinococcus*-verdachte cyste wordt vastgesteld, wordt deze microscopisch onderzocht en vervolgens met PCR geconfirmeerd door het NRL-P bij het RIVM. Van runderen en kleine herkauwers moeten, volgens het Keuringsregulatief, de ingewanden van borst en buikholte worden afgekeurd voor humane consumptie wanneer er macroscopisch waarneembare blazen in één of meerdere organen aanwezig zijn. Voor menselijke consumptie bestemde organen van runderen zonder macroscopisch waarneembare besmetting met echinokokkose, maar afkomstig uit echinokokkose- risicoland (Roemenië, Bulgarije en vanaf 2015 Hongarije) worden slechts geschikt verklaard voor menselijke consumptie onder voorwaarde dat ze een koudebehandeling ondergaan (-20°C gedurende minimaal twee dagen). Door het Keuringsregulatief wordt getracht te voorkomen dat besmette (delen van) runderen in de voedselketen terecht komen. Via honden die besmet vlees en organen

rauw eten, zijn autochtone humane infecties mogelijk.

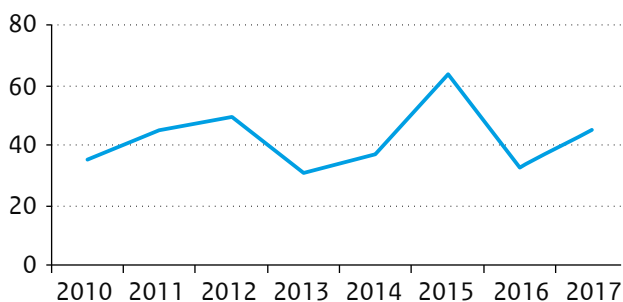
Autochtone gevallen van *E. granulosus* komen sinds decennia niet meer voor in Nederland door goede slachthuisinspectie en hygiëne (destructie positieve organen) en introductie van commerciële voeders voor honden, die door voldoende behandeling geen risico vormen. Een mogelijk risico vormt de toenemende populariteit van rauwe verse orgaanvleesvoeding van onbekende oorsprong voor honden, zoals BARF of KVV.⁴⁸ In 2015 zijn er bij de NVWA meerdere meldingen binnengekomen van verdenkingen van een besmetting met *E. granulosus* op slachthuizen.

Dit betrof runderen die voor de slacht waren ingevoerd vanuit Roemenië, Tsjechië en Hongarije. Bij 40 van de 42 onderzochte runderen is een besmetting met *E. granulosus* door het RIVM bevestigd.⁴⁹ In 2017 is er bij de NVWA één slachthuismelding binnengekomen van een verdacht schaap uit Nederland. Na beoordeling van de opgestuurde materialen en moleculaire confirmatie door het NRL-P bleek niet *E. granulosus*, maar *Cysticercus tenuicollis* te betreffen. *C. tenuicollis* is het larvale stadium van *Taenia hydatigena*. Deze blaasworm hangt vaak aan de lever in de buikholte en heeft een grote larve met een smalle nek (*tenuicollis*). *Taenia saginata* komt wereldwijd voor en heeft als eindgastheer voornamelijk hondachtigen, maar wordt niet als zoönotisch beschouwd.

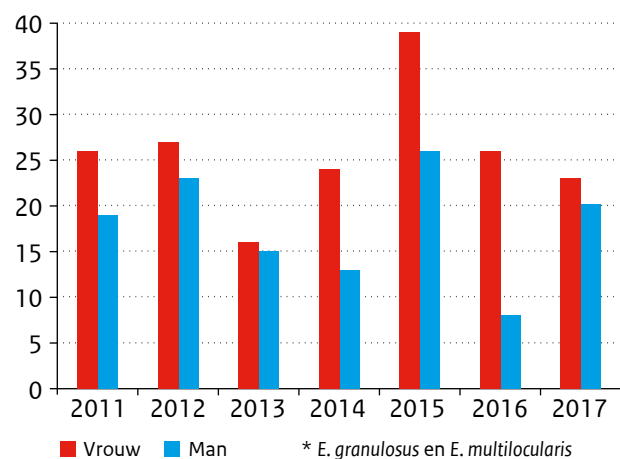
2.11.1.2 *E. multilocularis*

In Nederland is de vossenlintworm (*E. multilocularis*) voor het eerst in 1996-1997 aangetoond bij vossen in delen van Zuid-Limburg en Oost-Groningen.⁵⁰ Sindsdien verspreidt de parasiet zich vanuit de zuidelijke regio in noordelijke (Zuid-Limburg) richting. In de omgeving van

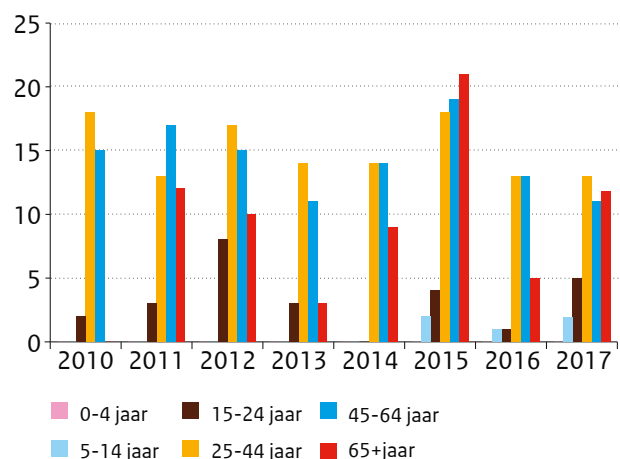
Figuur 2.11.1 Totaal aantal positieve humane patiënten met *Echinococcus granulosus*, per jaar (Bron: Havenziekenhuis, LUMC, AMC, RIVM)



Figuur 2.11.2 Totaal aantal positieve humane *Echinococcus** patiënten in Nederland, per geslacht (Bron: Havenziekenhuis, LUMC, AMC, RIVM)



Figuur 2.11.3 Totaal aantal positieve humane patiënten met *Echinococcus granulosus*, naar leeftijd (Bron: Havenziekenhuis, LUMC, AMC, RIVM)



Maastricht is in 2012-2013 een sterke toename van de prevalentie gevonden bij vossen.⁵¹

De snelheid van deze verspreiding kan worden beïnvloed door de komst van nieuwe gastheren, zoals bijvoorbeeld de wasbeerhond (*Nyctereutes procyonoides*). Deze invasieve exoot wordt steeds vaker in Nederland gezien. In 2013-2014 zijn negen wasbeerhonden onderzocht op *E. multilocularis*. Met de sedimentatie- en tel-methode waren ze allemaal negatief, maar met de Q-PCR voor *E. multilocularis* was één wasbeerhond herhaaldelijk positief, hoewel met een zwak signaal. De wasbeerhond werd gevonden in de provincie Flevoland, waar tot nu toe nog niet eerder *E. multilocularis* is gevonden.⁵² In 2016-2017 is het vervolgonderzoek bij vossen in Noordoost-Nederland (Groningen en Drenthe) uitgevoerd om meer inzicht te krijgen over het huidige verspreidingsgebied van *E. multilocularis* in het noorden van Nederland. Bij dit onderzoek zijn weer enkele besmette vossen gevonden, maar er zijn, in tegenstelling tot Zuid-Nederland, geen aanwijzing dat de vossenlint-worm verder verspreid is buiten het bekende endemische gebied in Oost- Groningen.⁵³

2.11.2 Echinokokkose bij mensen

2.11.2.1 *Echinococcus granulosus*

Echinokokkose bij mensen is in Nederland niet meldingsplichtig. Er zijn in Nederland naast het RIVM drie andere laboratoria die serologisch onderzoek doen naar *E. granulosus*, te weten het EMC/Havenziekenhuis in Rotterdam, het LUMC in Leiden en het AMC in Amsterdam. Er werden in 2017 door deze vier laboratoria in totaal 43 nieuwe patiënten positief bevonden (Figuur 2.11.1) voor *E. granulosus*. Dit betrof 20 mannen en 23 vrouwen, in leeftijd variërend van 14 tot 93 jaar (Figuur 2.11.2, Figuur 2.11.3). De meeste patiënten zijn van buitenlandse origine. Het totaal aantal geteste patiënten is groter dan het aantal van 43 nieuwe patiënten, omdat het deels vervolgonderzoek betreft bij een chronische infectie.

2.11.2.2 *Echinococcus multilocularis*

In 2008 werd voor het eerst bij een Nederlandse patiënte alveolaire echinokokkose vastgesteld, die deze infectie vermoedelijk in Nederland had opgelopen. De patiënt was woonachtig in Zuid-Limburg. In 2011 zijn twee nieuwe patiënten, beide vrouwen van circa 60 jaar uit het midden van het land, met alveolaire echinokokkose gediagnosticeerd waarbij niet bekend is hoe zij de infectie hebben opgelopen. Het vermoeden bestaat dat ze het in Nederland hebben opgelopen. Op basis van de toegenomen prevalentie in vossen in Zuid-Limburg zullen naar verwachting meer humane patiënten in Zuid-Limburg worden gezien de komende jaren. De incubatieperiode varieert van maanden tot jaren, maar het verloop tussen infectie en begin van de

symptomen wordt meestal op 15 jaar geschat. Er werd in 2017, bij één man een positieve alveolaire echinokokkose (AE) titer vastgesteld, echter door de leeftijd van de patiënt (>90 jaar) is geen confirmatie door middel van PCR op een biopt gedaan. Het is daarom geen bewezen AE (Figuur 2.11.2). In totaal zijn nu in Nederland bij 5 patiënten AE vastgesteld, die mogelijk de infectie in Nederland hebben opgelopen.

Meer informatie vindt u hier: http://www.rivm.nl/Documenten_en_publicaties/Algemeen_Actueel/Brochures/Infectieziekten/Informatie_vossenlintworm_voor_professional.

2.12 Leptospirose

Leptospiren kunnen worden onderverdeeld in pathogene en niet-pathogene leptospiren. De niet-pathogene leptospiren (*Leptospira biflexa sensu lato*) komen van nature voor in water en modder. De pathogene leptospiren behoren tot het species *L. interrogans sensu lato* en kunnen leptospirose veroorzaken bij mensen en dieren. Vooral knaagdieren, koeien en honden kunnen reservoir zijn voor deze pathogene leptospiren.

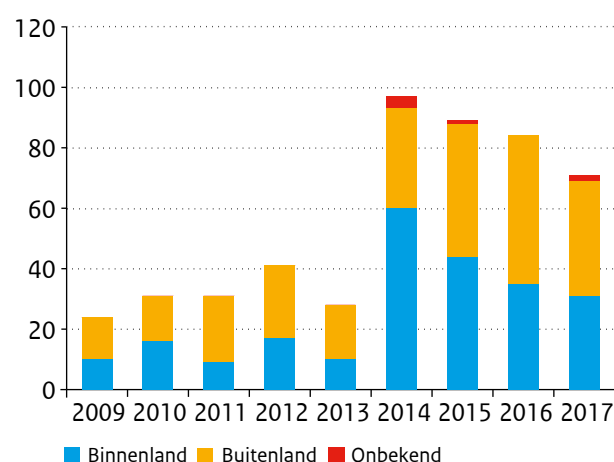
Leptospiren dringen via wondjes in de huid of door de slijmvliezen van oog, neus en mond actief het lichaam binnen. Een besmetting kan overgebracht worden door direct of indirect contact met leptospiren door bijvoorbeeld besmette urine, gecontamineerd (oppervlakte) water, modder of sperma, maar kan ook ontstaan via consumptie van besmet voedsel en drank, bijvoorbeeld rauwe melk, of door inademing van besmette aerosolen. Met rattenurine besmet oppervlaktewater is de grootste risicobron voor honden en de mens. De verschijnselen van leptospirose bij mensen kunnen variëren van milde griepachtige verschijnselen tot een dodelijke vorm met verschijnselen zoals geelzucht, nierfalen en bloedingen. De meest gesignaleerde symptomen in Nederland zijn koorts, spierpijn, hoofdpijn, koude rillingen, diarree, braken en verminderde urineproductie. Een ernstige vorm van leptospirose is ook bekend als de Ziekte van Weil.

2.12.1 Leptospiren bij mensen

Het aantal humane leptospirosegevallen is toegenomen sinds 2014, mogelijk door een toename van knaagdieren door de hogere temperatuur, wat leidt tot een betere overleving van knaagdieren en van leptospiren in de omgeving. In 2017 werden in totaal 71 gevallen van leptospirose gemeld (Tabel 2.12.1). Hiervan hadden 31 de ziekte opgelopen in Nederland en 38 in het buitenland. Bij twee gevallen was het land van besmetting onbekend. Dit aantal is lager dan in 2015 en 2016 (zie Figuur 2.12.1), maar nog steeds hoger dan vóór 2014. Zesenvijftig waren man en 15 vrouw.

De mediane leeftijd was 45 jaar (spreiding 3-71 jaar) voor autochtone gevallen en 28 jaar (spreiding 12-59 jaar) voor geïmporteerde gevallen. In totaal werden 29/31 van de autochtone gevallen en 23/38 van de reisgerelateerde gevallen opgenomen in het ziekenhuis.

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



In 2017 werd het merendeel van de autochtone gevallen ziek in de periode juli tot en met oktober. Er werd melding gemaakt van werkgerelateerde leptospirose bij 7/31 autochtone gevallen. Dit betrof twee boeren, één persoon werkzaam in de waterbouw (rioolreiniging), een duiker bij de brandweer, een natuurfotograaf, een plukker in de tuinbouw en een veldbioloog. Bij 17/31 meldingen was sprake van waarschijnlijke besmetting via oppervlaktewater, bij 4/31 door contact met aarde, bij 2/31 door diercontact en bij 8/31 was dit onbekend.

Onder Nederlandse reizigers werden 38 gevallen van leptospirose gerapporteerd in 2017. Het merendeel had de ziekte opgelopen in Zuidoost- Azië (20/38), voornamelijk in Thailand (n=12). Ook werd Centraal- en Zuid Amerika (inclusief de Cariben) vaak genoemd (13/38), voornamelijk Costa Rica (n=5) en Colombia (n=4). Voor 22/38 importgevallen was de bron van besmetting bekend; bijna allemaal liepen ze de ziekte op door recreatie in oppervlaktewater (n=20).

Van de autochtone gevallen kon in 9 van 31 gevallen de vermoedelijk infecterende serogroep worden bepaald: Icterohaemorrhagiae (n=5) en Grippotyphosa (n=4). Van de geïmporteerde gevallen kon voor 10 van de 38 patiënten de vermoedelijk infecterende serogroep worden bepaald: Icterohaemorrhagiae (n=1), Pyrogenes

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

	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017
Aantal bevestigde patiënten (man/vrouw)	31 (26/5)	41 (33/8)	28 (23/5)	97 (80/17)	89 (66/23)	84 (70/14)	71 (56/15)
PCR positief	7	17	13	57	68	55	54
Meest voorkomende serogroepen (aantal)*	Ictero (7) Grippo (4) Javanica (2) Australis (2)	Grippo (7) Mini (6) Ictero (4) Javanica (3)	Ictero (5) Pyrogenes (2) Sejroe (2)	Ictero (10) Grippo (8) Javanica (3) Sejroe (3) Sejroe/ Hebdomadis/ Hebdomadis/ Mini complex (2), Mini (2) Australis (2) Cynopteri (1) Celledoni (1) Pomona (1)	Ictero (16) Grippo (1) Sejroe (2) Sejroe/ Hebdomadis/ Mini complex (6), Mini (1) Australis (2) Celledoni (1) Pomona (2)	Ictero (11) Grippo (7) Sejroe (2) Sejroe/ Hebdomadis/ Mini complex (2), Mini (2) Australis (1) Pomona (1) Shermani (1) Bataviae (3) Pyrogenes (3) Javanica (1)	Ictero (6) Grippo (4) Sjroe (1) Mini (1) Australis (2) Shermani (1) Tarassovi (1) Pyrogenes (3)
Infectie opgelopen in Nederland (% van bevestigde patiënten)	9 (31%)	17 (41%)	10 (34%)	60 (62%)	44 (49%)	35 (42%)	31 (44%)
Beroepsmatige infecties in Nederland (% van de in Nederland opgelopen infecties)	6 (67%)	5 (29%)	1 (10%)	15 (25%)	16 (36%)	6 (17%)	7 (23%)
Infecties in Zuidoost Azië/Thailand (% opgelopen in Thailand)	16 (37%)	13 (54%)	11 (36%)	25 (72%)	28 (79%)	33 (67%)	20 (60%)

* Vermoedelijke serogroepen gebaseerd op de MAT; Ictero is Icterohaemorrhagiae, Grippo is Grippotyphosa, Pom is Pomona.

(n=3), Sejroe (n=1), Mini (n=1), Shermani (n=1), Australis (n=2) en Tarassovi (n=1) (Tabel 2.12.1).

2.12.2 Leptospiren bij dieren

Er komen in Nederland bij verschillende knaagdier-soorten *Leptospira* spp. voor. De meest pathogene voor mensen zijn *Leptospira* van de serogroep Icterohaemorrhagiae, die in ratten voorkomen. Zowel serovar Icterohaemorrhagiae en serovar Copenhageni van serogroep Icterohaemorrhagiae worden gevonden. Uit studies uitgevoerd van 2011-2015, is bekend dat de prevalentie van *Leptospira* spp. bij bruine ratten (*Rattus norvegicus*) in Nederland uiteenlopen van 33% tot 57%. In 2017 zijn geen wilde ratten getest voor *Leptospira* spp.

Naast ratten vormen ook muizen een reservoir voor *Leptospira* spp., vooral van de serogroep Grippotyphosa. In voorgaande jaren toonde de prevalentie van *Leptospira* spp. bij verschillende muizensoorten veel variatie, van 0 tot 100%. In de vier geteste provincies en bij drie muizensoorten werden *Leptospira* spp. gevonden. Hoeveel muizen echter bijdragen aan de humane ziektelast van leptospirose is afhankelijk van transmissieroutes en de mate van contact tussen muizen(excreta) en mensen. Dit moet nog verder worden onderzocht. In het Thema hoofdstuk van de Staat van Zoönosen 2016 is meer informatie te vinden over leptospirose in knaagdieren.²⁴

In de jaren 2010-2013 betrof het aantal leptospirose infecties in honden gemiddeld 12%. In 2014 was sprake van een verheffing met 24% positieve honden, hierover is eerder bericht.⁵⁴ In de jaren 2015 en 2016 (16%) was sprake van een stabilisatie. In 2017 heeft het VMDC de diagnostiek voor leptospirose uitgebreid met een PCR naast de bestaande serologie (IgM/IgG ELISA). Dit heeft geleid tot een toename van het aantal onderzochte monsters, maar het percentage positieve honden bleef met 17% stabiel. Belangrijk om in ogenschouw te nemen is dat het gaat om kleine aantallen positieve honden (ca. 10 per jaar) en dat het VMDC niet het enige laboratorium is dat leptospirosediagnostiek uitvoert. Conclusies over de exacte prevalentie in de Nederlandse hondenpopulatie zijn dan ook lastig te trekken.

2.13 Listeriose

Listeria monocytogenes is een ubiquitair voorkomende bacterie die onder andere voorkomt in grond, water, feces en op vegetatie. Veel dieren dragen *L. monocytogenes* in hun darmen bij zich en scheiden het uit via de feces. Na het doormaken van een infectie, die symptomeloos kan verlopen, kunnen lacterende dieren de bacteriën via de melk uitscheiden. Omdat de bacterie ook bij lage temperaturen (vanaf 3 °C) kan overleven en groeien, kan niet goed geconserveerd gras kuil (te lage zuurgraad) verontreinigd zijn met een flinke hoeveelheid bacteriën. Consumptie van deze kuil kan leiden tot een infectie, waarbij de vrucht of de hersenen kunnen worden aangetast. Van de herkauwers zijn vooral schapen en geiten gevoelig voor listeriose, maar ook bij runderen treedt regelmatig listeriose op. De dieren gaan rondjes lopen door eenzijdige hersenontsteking en bij drachtige ooien worden de vruchten verworpen. Klinische verschijnselen van listeriose zijn lang niet altijd heel duidelijk, maar bij meerdere gevallen in een koppel doen zich meestal bij een deel van de dieren wel de typische verschijnselen voor.⁵⁵

Mensen raken vooral geïnfecteerd door de consumptie van met *Listeria* besmet voedsel, zoals rauwmelkse kazen, vleeswaren, rauwe, gerookte of gemarineerde vis, ongepasteuriseerde melk, kant-en-klare pannenkoeken en sandwiches en voorverpakte salades. Ook kunnen schaphouders of dierenartsen bij de partushulp van een met *Listeria monocytogenes* geïnfecteerde vrucht(-water) de infectie oplopen. De meeste infecties met *Listeria monocytogenes* verlopen asymptomatisch of als een mild ziektebeeld met griepachtige verschijnselen. Bij personen met een verstoorde afweer verloopt de infectie vaak ernstiger. Er kan dan een gegeneraliseerde infectie ontstaan met bacteriëmie, meningitis of meningo-encefalitis, evenals peritonitis, bot- en gewrichtsinfecties, peri- of endocarditis en sepsis.

Bij zwangeren kan de infectie leiden tot intra-uteriene vruchtdood en vroeggeboorte, waarbij de vrouwen zelf geen ziekteverschijnselen hoeven te vertonen. Contact met geïnfecteerd vrucht(-water) kan onder andere tot huidinfecties leiden.⁵⁶

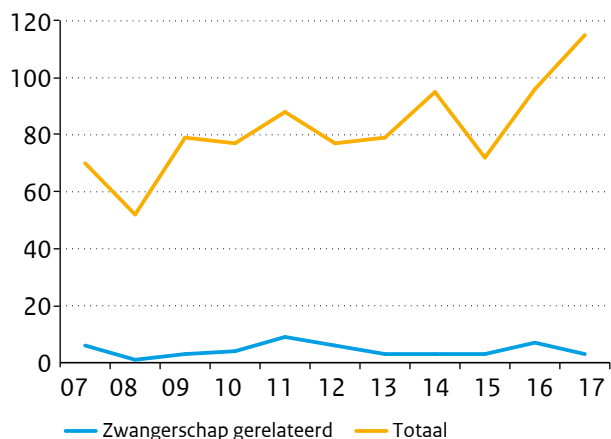
2.13.1 Listeriose bij mensen

Sinds 2005 bestaat een geïntensiveerde surveillance van *Listeria monocytogenes* in Nederland. Vanaf 2006 worden daarbij ook de resultaten van de voedselmonitoring door de NVWA betrokken. In december 2008 is listeriose opgenomen in de lijst van meldingsplichtige ziekten bij de mens. In 2017 werden 115 patiënten gemeld (Figuur 2.13.1), waarvan 113 via de aangifte. Dit komt overeen met een incidentie van 6,7 ziektegevallen per miljoen inwoners per jaar in Nederland. Dit ligt boven de incidentie van gerapporteerde listeriose van 4,3-5,7 patiënten per miljoen inwoners in de voorgaande jaren sinds de invoering van de meldingsplicht eind 2008. Deze toename is deels te wijten aan een landelijk cluster van 11 patiënten, met daarnaast nog 1 patiënt in 2016 en 1 in 2018. De vermoedelijke bron van dit cluster was haring, maar *traceback* heeft niet geleid tot 1 leverancier of locatie.

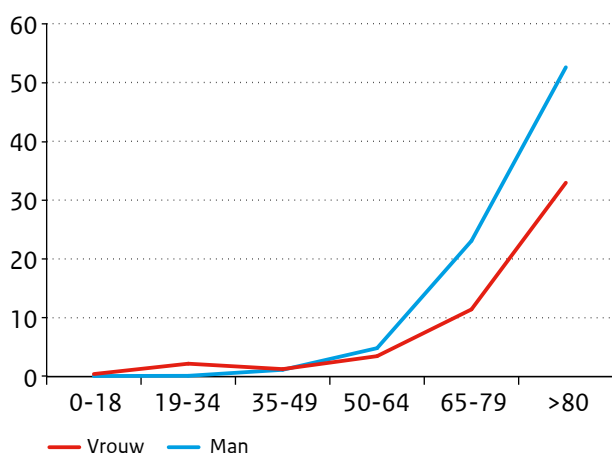
Drie patiënten (3%) waren zwanger ten tijde van de *Listeria*-infectie, waarbij twee zwangerschappen eindigden in doodgeboorte. Van de volwassen patiënten overleden er tien. Het sterftepercentage onder gemelde patiënten met listeriose (exclusief zwangerschapsgerelateerde sterfte onder baby's) was in 2017 9% met een mediane leeftijd van 81 jaar (70-93 jaar). Het sterftepercentage varieert sterk door de jaren heen en was het hoogst in 2006 (31%) en het laagst in 2011 (5%). Gemiddeld stierf 12% van de volwassen gemelde patiënten (2005-2015). De incidentie, berekend over 2013-2017, stijgt met de leeftijd, met uitzondering van een lichte piek voor vrouwen in de leeftijd 20-34 jaar, die voornamelijk zwangere vrouwen betreft (Figuur 2.13.2).

Boven de 50 jaar is de incidentie hoger onder mannen dan onder vrouwen. Alleen van de officieel gemelde patiënten zijn extra gegevens bekend; in 2017 hadden zeven patiënten (6%) geen onderliggend lijden en gebruikte geen immunosuppressiva of maagzuurremmers. Sepsis (33%) was het meest voorkomende ziektebeeld, gevolgd door meningitis (24%), longontsteking (13%) en maagdarminfectie (12%). Als mogelijke bronnen van infectie vielen twee producten voornamelijk op, te weten worst/worstjes (60%) terwijl dit in de voorgaande jaren onder de helft (39-48%) bleef en haring met 43% ten opzichte van 27-36%. Binnen het landelijke cluster werd een sterke associatie met haring gezien, maar ook bij uitsluiting van deze patiënten heeft 40% van de patiënten haring gegeten. Het RLBM ontving isolaten van 93 patiënten voor bevestiging en nadere typering. De meeste

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



Figuur 2.13.2 Incidentie van listeriose naar leeftijd en geslacht, 2012-2017



patiënten bleken geïnfecteerd met *L. monocytogenes* serotype 4b (51%), 1/2a (40%), of 1/2b (8%). Serotype 1/2c werd 1 keer aangetoond en ten slotte eenmaal 1/2. Whole-genome sequencing (WGS) middels core-genome multi-locus sequence typing (CgMLST) vervangt de PFGE analyse die tot 2017 werd gedaan. Naast het landelijke cluster werden nog 11 andere, kleinere, clusters gedetecteerd, wat vergelijkbaar is met het aantal clusters dat voorheen met PFGE werd gevonden.

2.13.2 *Listeria* in voedsel

In Europa is het terugdringen van het aantal listeriosegevallen een speerpunt. Aangezien de mens voornamelijk door levensmiddelen aan *Listeria* wordt blootgesteld, zijn er op Europees niveau wettelijke normen voor *L. monocytogenes* opgesteld voor kant-en-klare

producten, opdat alleen veilige producten op de markt worden gebracht. Deze normen zijn vastgelegd in Verordening (EG) nr. 2073/2005.⁵⁷ Algemeen geldt een norm van ≤ 100 kve/gram gedurende de gehele houdbaarheid van het product en in bijzondere gevallen geldt afwezigheid in 25 gram direct na productie. De NVWA doet jaarlijks onderzoek naar het voorkomen van *L. monocytogenes* in levensmiddelen. De nadruk ligt hierbij op langer houdbare (> 5 dagen), koelverse producten, die na eventuele verhitting nog een extra bereidingsstap hebben ondergaan, zoals snijden. In 2017 onderzocht de NVWA circa 4.900 (partijen van) levensmiddelen op aanwezigheid (kwalitatief en/of kwantitatief) van *L. monocytogenes*. Hieruit zijn 227 isolaten verkregen, waarbij 95% van de isolaten is verkregen met de kwalitatieve methode en het besmettingsniveau van de levensmiddelen onder de 100 kve/gram bleef. De isolaten zijn verkregen uit: 38 visproducten (15 zalm, 12 haring), 56 vers pluimveevlees (48 kip, 8 kalkoen), 74 bereid pluimveevlees (71 kip, 3 kalkoen), 27 rundvlees, 15 vleesproducten rauw te consumeren (9 filet américain), 8 lamsvlees, 5 varkensvlees en elk 1 in partij tahin, en 1 maaltijdsalade.

2.14 Orthohantavirus

Orthohantavirussen (voormalige naam: hantavirussen⁵⁸) circuleren in specifieke knaagdier- en insectivoorgastheren. In Nederland is de circulatie van drie typen orthohantavirussen aangetoond: in rosse woelmuizen (*Myodes glareolus*) is Puumala-virus (PUUV) gevonden, in veldmuizen (*Microtus arvalis*) Tulavir (TULV) en in bruine ratten (*Rattus norvegicus*) is Seoulvirus (SEOV), voor het eerst in 2015, beschreven.⁵⁹ In andere Europese landen circuleren nog andere orthohantavirussen, zoals in onder meer Oost-Duitsland het Dobrava-Belgradevirus (DOBV, vier verschillende genotypen met allemaal hun eigen specifieke gastheer). De meerderheid van de humane gevallen in Europa wordt veroorzaakt door PUUV.⁶⁰ Geïnfecteerde dieren kunnen het virus tot acht maanden uitscheiden via feces, urine en speeksel. Mensen raken incidenteel besmet door het inademen van virusdeeltjes in opwarrelend stof. Orthohantavirussen kunnen twee verschillende ziektebeelden veroorzaken bij de mens: hemorragische koorts met renaal syndroom (HKRS) in Europa en Azië en orthohantavirus (cardio) pulmonaal syndroom (HPS) in Amerika. Het belangrijkste klinische syndroom in Nederland is nefropathia epidemica (NE), een milde vorm van HKRS die wordt veroorzaakt door PUUV. Een belangrijk punt bij de diagnostiek voor PUUV en andere milde orthohantavirusinfecties is dat de viremische fase erg kort is en de titer van het virus vaak laag. Hierdoor is de kans zeer klein dat het virus of zijn RNA aangetoond

kan worden. Men is daarom aangewezen op serologie. Orthohantavirus diagnostiek kan zowel bij het RIVM als bij Erasmus MC worden uitgevoerd. Orthohantavirusinfecties zijn meldingsplichtig in Nederland sinds december 2008 (zie paragraaf 2.2).⁶¹

2.14.1 Orthohantavirusinfecties bij mensen

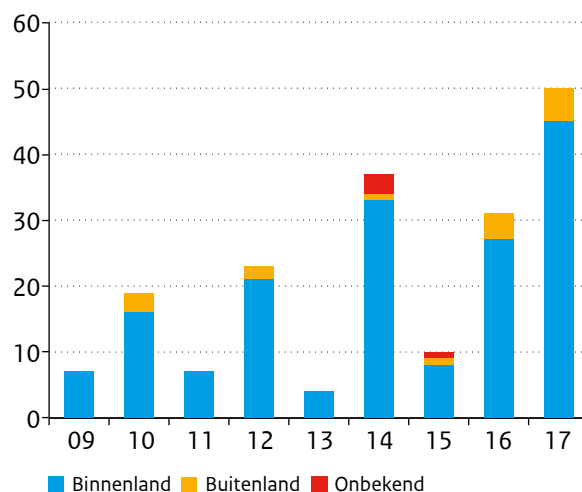
In de periode 2009 tot en met 2016 zijn in totaal 138 patiënten gemeld in Osiris met een orthohantavirus infectie (Figuur 2.14.1). Dit zijn gemiddeld 17 gevallen per jaar (spreiding: 4 tot 38 gevallen). Het merendeel was man (68%) en de mediane leeftijd was 46 jaar (spreiding 15-78 jaar). Bijna alle patiënten (89%) hadden de infectie opgelopen in Nederland. Bijna alle patiënten waren in het ziekenhuis opgenomen (80%) en 11 (8%) hadden een nierdialyse nodig. In 2016 werd voor het eerst een autochtone infectie met Seoul orthohantavirus vastgesteld bij een man die de infectie zeer waarschijnlijk opgelopen had via contact met ratten die hij hield als voer voor zijn reptielen. Deze waren afkomstig van een rattenfokkerij.

In 2017 werden 50 patiënten met orthohantavirus infecties gemeld (Figuur 2.14.1), wat hoger was dan afgelopen jaren. Meldingen waren afkomstig uit 13 verschillende GGD-regio's. De helft werd gemeld door GGD-regio Twente (n=12) en GGD-regio Brabant Zuid-Oost (n=12), bekende endemische gebieden voor orthohantavirus. De eerste ziekte-dagen lagen verspreid over het gehele jaar. Het betrof 13 vrouwen en 37 mannen tussen de 16 en 77 jaar. Hiervan zijn 44 opgenomen in het ziekenhuis en één patiënt had een nierdialyse nodig. De meeste patiënten (n=45) hebben de infectie opgelopen in Nederland. De overige vijf hebben het waarschijnlijk in het buitenland opgelopen. Als mogelijk bron van besmetting werd genoemd dat men dichtbij of in het bos dan wel weiland was geweest. Ook werd de eigen tuin of (schoonvegen van) schuur/kelder/stal genoemd. Na het eerste SEOV geval in 2016 zijn er in 2017 nog eens drie patiënten met SEOV gediagnosticeerd. Twee gevallen in het zuiden van het land zijn epidemiologisch gelinkt waarbij de index case (1^e patiënt) voederratten fokt voor zijn reptielen en het contact (2^e patiënt) voor de ratten heeft gezorgd bij afwezigheid van de index. De derde patiënt uit het westen van het land hield ratten als huisdier. Het klinisch beeld van de Seoulvirus patiënten komt overeen: koorts, braken, diarree en algehele malaise. Opvallend is dat alle patiënten een leverontsteking hebben doorgemaakt, wat duidelijk afwijkt van de PUUV patiënten.

2.14.2 Orthohantavirus bij dieren

Naar aanleiding van humane gevallen van SEOV heeft de NVWA twee bronopsporingen uitgevoerd. Het ene geval betrof een fokkerij van voederratten en -muizen in de

Figuur 2.14.1 Orthohantavirus infecties bij mensen inclusief (waarschijnlijke) locatie van besmetting (Bron: RIVM)



provincie Noord-Brabant, de andere een hobbyhouder met twee ratten in Noord-Holland. Van de eerstgenoemde locatie zijn 10 ratten onderzocht op het RIVM. Acht van de 10 dieren waren zowel serologisch positief als in de RT-PCR. De andere twee ratten waren wel beide positief in de RT-PCR, maar één was laag seropositief en de andere seronegatief. Van de casus in Noord-Holland zijn twee ratten onderzocht, die beide seropositief waren en positief in de RT-PCR. De gevonden stammen vertonen grote overeenkomsten met stammen die in Engeland en Frankrijk gevonden zijn bij tamme ratten. De sequenties van de Seoulvirussen gevonden in de ratten en de patiënten waren identiek.

De hobbyhouder uit Noord Holland heeft vrijwillig besloten de dieren te laten euthanaseren. De voederratten houder uit Noord Brabant is geadviseerd maatregelen te nemen om het besmettingsrisico voor de omgeving te beperken. Nadruk is gelegd op het voeren van een goede ongediertebestrijding, het hygiënisch afvoeren van de mest, het consequent dragen van persoonlijke beschermingsmiddelen en het informeren van hun (beperkte aantal) afnemers. De houder heeft later de volwassen ratten afgemaakt en is met de jonge populatie verder gaan fokken. Er is een afspraak gemaakt om in de loop van 2018 de populatie opnieuw te testen op de aanwezigheid van het virus door het RIVM. Voor meer informatie over orthohantavirussen in knaagdieren, zie hoofdstuk 4 van de Staat van Zoönosen 2016.²⁴

2.15 Psittacose

Psittacose is een respiratoire infectie met een variabele presentatie, veroorzaakt door *Chlamydia psittaci*. De infectie kan symptomeloos verlopen, maar kan zich ook uiten als griepachtig ziektebeeld met koorts, hevige hoofdpijn, spierpijn, hoesten, rillerigheid en zweten. Ook kan het zich presenteren in ernstige vorm als pneumonie of als een septisch ziektebeeld met multi-organafalen, waarvoor ziekenhuisopname noodzakelijk is. Psittacose wordt ook wel ornithose of papegaaizenziekte genoemd en is humaan en veterinair bij vogels anders dan pluimvee meldingsplichtig (zie paragraaf 2.2). Het genus *Chlamydia* werd een tijd opgedeeld in twee genera, *Chlamydia* en *Chlamydophila*, maar sinds 2015 is deze opsplitsing weer ongedaan gemaakt.^{62,63}

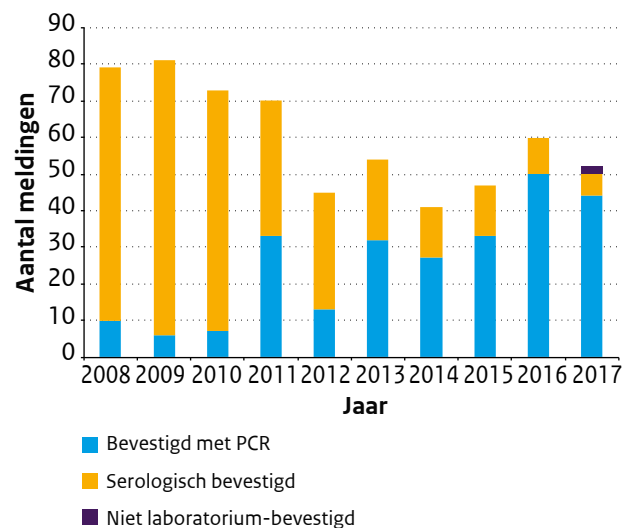
2.15.1 Humane situatie

Het aantal meldingen van psittacose in 2017 bedroeg 52. Dit aantal is vergelijkbaar met het aantal meldingen in de jaren 2012-2016, toen het jaarlijks aantal meldingen varieerde van 41-60 (Figuur 2.15.1, Tabel 2.15.1). De mediane leeftijd van de patiënten was 55 jaar en 52% was man. Evenals in voorgaande jaren werden de meeste patiënten opgenomen in het ziekenhuis (85%). Dit hangt overigens samen met het feit dat patiënten in principe empirisch behandeld worden (op basis van waarschijnlijkheidsdiagnose) en dat alleen gestreefd wordt naar een etiologische diagnose (met laboratorium diagnostiek) in meer ernstige gevallen en/of wanneer de empirische behandeling niet aanslaat. Omdat deze subgroep grotere kans heeft om in het ziekenhuis opgenomen te worden, wordt het percentage beïnvloed. Er waren 2 kleine clusters onder de gemelde patiënten. Bij beide clusters waren vogels die thuis voor de hobby werden gehouden de mogelijke bron. Het eerste cluster bestond uit 4 patiënten: 2 gezinsleden en 2 burens van de vogeleigenaar. De vogels van de vogeleigenaar zijn bemonsterd en positief bevonden (genotype A). Van de patiënten is er geen genotype bekend. Het tweede cluster bestond uit 2 familieleden die allebei een papegaaiachtige uit hetzelfde nest hadden gekocht. De vogel van één van beide patiënten, evenals de vogels op de herkomstlocatie zijn door de NVWA getest en positief bevonden, waarbij genotype A is aangetroffen. Bij één van beide patiënten is eveneens genotype A aangetroffen.

2.15.1.1 Diagnostiek

Net als in 2016 werd bij een hoog percentage (83%) van de gemelde patiënten de diagnose gesteld met PCR (Tabel 2.16.1). Dit is gunstig, want met PCR kan de diagnose sneller gesteld worden dan met behulp van serologische diagnostiek. Bij serologische diagnostiek is volgens de huidige meldingscriteria een meervoudige

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



titerstijging vereist en is dus tweemaal bloedafname met een tussenpoos van enkele weken nodig.⁶⁴ Snellere diagnostiek, zoals met PCR⁶⁵, kan de bronopsporing bevorderen en is positief voor de patiënt, omdat de juiste antibioticumbehandeling daarmee mogelijk eerder ingezet kan worden. Op materiaal van patiënten bij wie de diagnose gesteld is met behulp van PCR kan bovendien genotypering gedaan worden.

2.15.1.1.1 Genotypering

Om meer zicht te krijgen op de genotypes van *C. psittaci* die een rol spelen bij transmissie naar de mens, kan sinds eind augustus 2012 op diagnostisch materiaal van psittacosepatiënten genotypering gedaan worden in het ZuyderlandMC in Sittard-Geleen/Heerlen. De genotyperingsmethode (*OmpA* genotypering) kan minstens negen genotypes van *C. psittaci* onderscheiden (A t/m I, E/B, M56 en WC) die een min of meer vogelsoortafhankelijk voorkomen hebben.⁶⁶ In 2017 ontving Zuyderland MC materiaal van 36 van de 44 patiënten (82%) van wie geschikt diagnostisch materiaal beschikbaar was, dat wil zeggen degenen bij wie de diagnose vastgesteld was met PCR (Tabel 2.15.2). Net als in de voorgaande jaren kwamen genotype A (voornamelijk, maar niet uitsluitend, geassocieerd met papegaaiachtigen) en genotype B (geassocieerd met duiven) het meest voor. In de afgelopen jaren was de verhouding waarin genotype A en B voorkwam, ongeveer gelijk. Genotype B werd in 2017 iets vaker aangetoond dan genotype A. De genotypering toonde in 2017 ook patiënten met een nieuw *C. psittaci* genotype vergelijkbaar met genotype C (93% overeenkomst) aan. Daarnaast kunnen nauw verwante *Chlamydia* species via de typering herkend worden. Zo waren er 2

Tabel 2.15.1 Demografische, klinische en diagnostische gegevens van in Osiris gemelde psittacosepatiënten^a

Jaar (aantal meldingen) ^b	Incidentie (per 100.000)	Mediane leeftijd in jaren (1e en 3e kwartiel)	Aantal mannen ^b	Aantal besmet in het buitenland ^b	Ziekenhuis-opname ^b
2017 (n=52)	0,30	55 (39 - 69)	27 (52)	0	44 (85)
2016 (n=60)	0,35	58 (45 - 71)	48 (80)	4 (7)	49 (82)
2015 (n=47)	0,28	57 (41 - 68)	32 (68)	0	37 (79)
2014 (n=41)	0,24	58 (47 - 71)	32 (78)	1 (2)	38 (93)
2013 (n=54)	0,32	59 (43 - 70)	36 (67)	2 (4)	41 (76)
2012 (n=45)	0,27	57 (45 - 65)	28 (62)	1 (2)	32 (71)
2011 (n=70)	0,42	59 (51 - 70)	49 (70)	0	52 (74)
2010 (n=73)	0,44	59 (48 - 66)	50 (69)	3 (4)	53 (74)
2009 (n=81)	0,49	58 (48 - 64)	51 (63)	2 (3)	50 (62)
2008 (n=79)	0,48	55 (42 - 64)	54 (68)	2 (3)	47 (60)

Jaar (aantal meldingen) ^b	Aantal overleden ^b	Mediane diagnostische vertraging in dagen (1e en 3e kwartiel) ^c	Diagnostiek toegepast bij de gemelde patiënten:		
			PCR ^{b,d}	Serologisch ^b	Geen ^b
2017 (n=52)	0	11 (7 - 27)	44 (85)	6 (12)	2 (4)
2016 (n=60)	1 (2)	9 (6 - 14)	50 (83)	10 (17)	0
2015 (n=47)	1 (2)	10 (8 - 14)	33 (70)	14 (30)	0
2014 (n=41)	1 (2)	12 (7 - 21)	27 (66)	14 (34)	0
2013 (n=54)	0	18 (9 - 29)	32 (59)	22 (41)	0
2012 (n=45)	0	28 (11 - 45)	13 (29)	32 (71)	0
2011 (n=70)	2 (3)	19 (11 - 41)	33 (47)	37 (53)	0
2010 (n=73)	0	32 (21 - 50)	7 (10)	66 (90)	0
2009 (n=81)	0	31 (20 - 46)	6 (7)	75 (93)	0
2008 (n=79)	1 (1)	37 (20 - 58)	10 (13)	69 (87)	0

a Datum waarop de meldingen ingedeeld zijn = datum eerste ziekte dag, of, indien deze ontbreekt, datum van melding of datum van laboratorium-bevestiging (afhankelijk van welke van datum eerst was). Van enkele meldingen ontbreekt de betreffende informatie.

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

c Diagnostische vertraging is berekend als het aantal dagen tussen eerste ziekte dag en datum laboratoriumuitslag. Negatieve vertraging en vertraging van meer dan één jaar zijn geëxcludeerd.

d PCR= 'alleen PCR' of 'combinatie van PCR en serologische bevestiging'

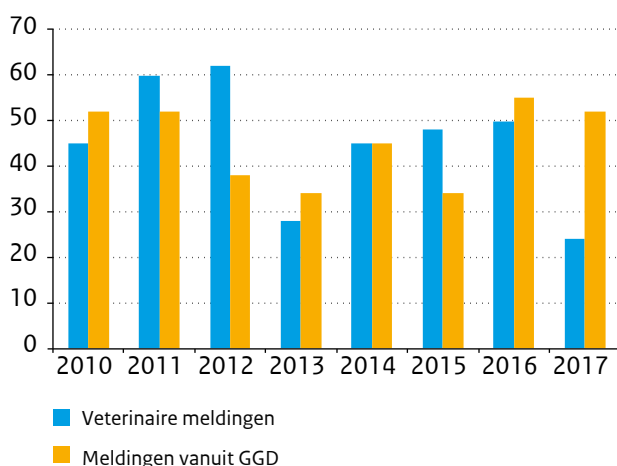
patiënten met *C. caviae*-infectie en een patiënt met een *C. felis*-infectie. De *C. caviae* casussen worden in paragraaf 3.3 en de *C. felis* casus wordt in paragraaf 3.4 uitgebreider beschreven.

2.15.1.1.2 Besmettingsbronnen

Bij 46 van de 52 (88%) meldingen werd door de GGD tenminste één mogelijke locatie van besmetting gerapporteerd, bij de overige meldingen bleef een mogelijke bron onbekend. De thuissituatie was in 2017 net als in voorgaande jaren de meest gerapporteerde mogelijke locatie van besmetting (85%) (Tabel 2.15.3). Duiven (61%) en papegaaiachtigen (45%) waren in 2017 daarbij de meest gerapporteerde vogelsoorten.

Opvallend is dat het percentage meldingen met pluimvee als mogelijke bron met 25% hoger is dan in de 4 voorgaande jaren, toen dit varieerde van 4 tot 18%. Ook het percentage meldingen met 'overige diersoorten' als mogelijke bron is toegenomen. Deze overige diersoorten betroffen in 2017 in 6 van de 8 meldingen katten en bij 2 meldingen ging het om cavia's en konijnen. 'Overige vogelsoorten' werden in 2017 ook veelvuldig gerapporteerd. Hierbij ging het in 8 van de 21 meldingen om zangvogels. In het lopende, door ZonMW gefinancierde multidisciplinaire project 'Plat4m-2Bt-psittacosis' zullen gegevens over patiënten, dierlijke monsters en genotypering van diverse bij surveillance en bronopsporing betrokken organisaties aan elkaar

Figuur 2.15.2 Aantal meldingen van psittacose binnen-gekomen bij de NVWA (Bron: NVWA)



gekoppeld worden.⁶² Het doel is het verkrijgen van meer inzicht in de incidentie en prevalentie van *C. psittaci* bij dieren en in de besmettingsbronnen voor de mens.

2.15.1.1.3 Bemonsteringsresultaten

Bij 28 van de gemelde patiënten werden één of meerdere mogelijke bronlocaties bemonsterd door de NVWA. Bij 18 patiënten was minimaal één locatie positief. Bij 15 patiënten ging het om één mogelijke bronlocatie die positief testte en bij 3 patiënten ging het om 2 mogelijke bronlocaties die positief testten. Bij 21 locaties werd genotypering van *C. psittaci*-positief materiaal uit veterinaire monsters verricht. Dit leidde tot de volgende uitslagen: 13 keer genotype A, 7 keer genotype B en één keer onbekend. Op geen van de locaties werden meerdere genotypes aangetroffen. Elf positief geteste locaties hadden een genotypische match met materiaal van de patiënt (7 keer genotype A en 4 keer genotype B).

2.15.2 *Chlamydia psittaci* bij dieren

De meldingsplicht voor psittacose volgens de Gwvd geldt voor vogels niet zijnde pluimvee. Deze meldingen bij vogels komen bij de NVWA binnen via dierenartspraktijken, veterinaire laboratoria of vogelhouders. In 2017 is dit aantal meldingen opvallend gedaald, terwijl het aantal humane meldingen nagenoeg gelijk is gebleven (Figuur 2.15.2). De NVWA zal over meerdere jaren gaan bekijken of deze trend zich voortzet. Naast de meldingen van de GGD waarbij de NVWA verzocht werd bronopsporing uit te voeren om de bron van een humane besmetting te achterhalen (resultaten beschreven onder 2.15.1.3), zijn er in 2017 24 veterinaire meldingen bij de NVWA binnengekomen met betrekking tot psittacose, waaronder klinisch zieke vogels (10), in beslag genomen vogels (2) en positieve laboratoriumuit-

slagen van vogels (12). Verder is er naast de meldingen van de GGD in 2017 één bronopsporing uitgevoerd naar aanleiding van een particuliere melding door een vogelhouder met gezondheidsklachten. De patiënt zelf is overigens niet in Osiris gemeld. Daarnaast zijn er bij de NVWA 8 casussen geregistreerd in verband met tractering. De NVWA probeert dan de herkomstlocatie van een recent aangekochte positieve vogel te traceren en deze locatie te bezoeken. Dit is niet altijd mogelijk door het ontbreken van een verplichte registratie en identificatie van de meeste soorten vogels. In 6 van de 8 gevallen kon op de herkomstlocatie ook het DNA van de bacterie aangetoond worden. Deze casussen werden tot en met het jaar 2016 meegeteld bij het aantal veterinaire meldingen, maar worden nu dus apart geteld.

Van de 24 veterinaire meldingen werd 20 maal de locatie bezocht en zijn de verdachte vogels bemonsterd, waarbij cloacaswabs en/of mestmonsters zijn genomen. In 11 gevallen was de verdachte vogel nog niet behandeld met een antibioticum en bij 4 (36%) van deze gevallen is *C. psittaci* DNA aangetoond. Bij 4 andere meldingen bleken de verdachte vogels reeds met een antibioticum te worden behandeld. De vogels zijn na de behandeling door de NVWA alsnog bemonsterd. Het DNA van de bacterie werd in deze gevallen niet (meer) aangetoond. Tenslotte bleek bij 7 meldingen de vogel reeds te zijn overleden. Vijfmaal werd de locatie alsnog bezocht om de aanwezige contactdieren te bemonsteren. In 2 gevallen werd bij deze dieren *C. psittaci* DNA aangetoond. Genotypering van *C. psittaci*-positief materiaal uit veterinaire NVWA monsters (6) toonde vijfmaal genotype A aan. Eén monster kon niet getypeerd worden.

2.15.3 Andere mogelijk zoönotische *Chlamydia*-soorten

In Nederland zijn (mogelijk) zoönotische *Chlamydia*-soorten anders dan *C. psittaci*, zoals *C. abortus*, *C. caviae* en *C. felis*, niet meldingsplichtig bij zowel mens als dier (zie paragraaf 2.2). Deze kunnen met de huidige diagnostische testen die gebruikt worden in de meeste medische microbiologische laboratoria (PCR, serologie) meestal wel opgepikt, maar niet onderscheiden worden. De aanvullende diagnostische testen die nodig zijn om hier onderscheid in te maken zijn slechts in een beperkt aantal laboratoria beschikbaar. De gerapporteerde patiënten met *Chlamydia* spp. anders dan *C. psittaci* moeten beschouwd worden als casussen die toevalligerwijs aan het licht zijn gekomen als 'bijvangst' van de psittacose surveillance.

Chlamydia abortus komt voor bij kleine herkauwers waarbij het een belangrijke oorzaak is van infectieuze abortus. Bij mensen kan een infectie met *C. abortus*

leiden tot ernstige ziekte (pneumonie) en miskramen bij zwangere vrouwen. Hoewel veel Nederlandse schapen- en geitenbedrijven besmet zijn, wordt *C. abortus* zelden bij mensen gediagnosticeerd. Het wordt beschouwd als een zoönose met een verwaarloosbaar risico voor de volksgezondheid.⁶⁷

Chlamydia caviae kan bij cavia's leiden tot conjunctivitis. Bij een beperkt aantal mensen in Nederland met longontsteking (zes sinds 2013) is een infectie met *C. caviae* aangetoond.⁶⁸ Omdat *C. caviae* tot 1999 geen aparte species was, maar *C. psittaci* werd genoemd, is het niet aan te geven of longontstekingen door *C. caviae* in het verleden zijn benoemd als psittacose. In paragraaf 3.3 wordt een toelichting gegeven op de tot nu toe bekende humane casussen.

Van de sinds kort erkende soorten *C. avium* (voorkomend bij papegaai-achtigen en duiven) en *C. gallinacea* (voorkomend bij kippen, kalkoenen, hoenderachtigen en eenden) is nog niet duidelijk of ze zoönotisch zijn. Bij een onderzoek in 2015 testte bijna de helft van de onderzochte leghennenbedrijven positief op *C. gallinacea*.⁶² Een complicerende factor is dat binnen de huidige humane en veterinaire diagnostiek *C. avium* en *C. gallinacea* gemist worden met de doorgaans gebruikte PCR-testen.

C. felis is een belangrijke oorzaak van conjunctivitis bij katten, maar ziektegevallen bij mensen zijn zeldzaam.⁶⁹ Eind 2017 is via de psittacose surveillance in Osiris één humane casus van *C. felis* gemeld. Deze casus wordt in paragraaf 3.4 uitgebreider beschreven.

C. muridarum wordt gebruikt in muismodellen voor humane *C. trachomatis* infecties. Het kan respiratoire klachten veroorzaken bij muizen en hamsters en is zover bekend niet zoönotisch.⁷⁰

Van *C. suis* zijn geen beschrijvingen of literatuurreferenties bekend die duiden op een mogelijk zoönotisch potentieel, maar er is tot nu toe relatief weinig onderzoek naar gedaan. Eén onderzoek bij slachthuis-medewerkers toonde *C. suis* aan in conjunctiva swabs, maar zonder een link met ziekte.⁷¹ Ook *C. pecorum* wordt beschouwd als niet zoönotisch. Bij dieren komen *C. pecorum* en *C. suis* veelal asymptomatisch voor, hoewel ze ook tot klinische klachten kunnen leiden. Bij varkens wordt *C. suis* gerelateerd aan onder andere conjunctivitis en vruchtbaarheidsstoornissen en *C. pecorum* wordt bij varkens, herkauwers en koala's gerelateerd aan verschillende klinische verschijnselen, waaronder conjunctivitis en urogenitale stoornissen, met onvruchtbaarheid tot gevolg.⁶⁹

2.16 Q-koorts

Q-koorts wordt veroorzaakt door *Coxiella burnetii*. Herkauwers, zoals schapen en geiten, zijn de voornaamste bron voor humane infectie. Tijdens de lammerperiode scheiden geïnfecteerde moederdieren de bacteriën in grote hoeveelheden uit via vruchtwater en placenta. De dieren zelf vertonen meestal geen symptomen, hoewel vruchtbaarheidsproblemen en abortus kunnen optreden. Er zijn twee morfologische varianten bekend van deze bacterie, die verschillen in metabole activiteit en mogelijkheid om in de omgeving te overleven. De kleincellige variant is een spore-achtige extracellulaire vorm die metabool inactief is. Dit is de vorm die zeer lang kan overleven in de omgeving, zoals in en rond stallen, weilanden, ruwe wol, huiden en kleding, en via de lucht wordt verspreid. Infecties kunnen opgelopen worden na inhalatie van de kleincellige variant. De grootcellige variant daarentegen is de metabool actieve vorm waarin de bacterie zich vermenvuldigd binnen in cellen (vooral macrofagen en trofoblasten), nadat de infectie heeft plaatsgevonden. Naast de twee morfologische varianten vertoont *C. burnetii* ook antigene variatie, op basis van verschillen van LPS (oppervlakte lipopolysaccharide), die van belang is voor de serologische differentiatie tussen acute en chronische Q-koorts. Verschillende expressies van LPS vormen de basis van het onderscheid tussen fase I en fase II antigenen. Na infectie met *C. burnetii* verlopen de meeste gevallen asymptomatisch. Bij personen waarbij wel klinische klachten optreden, variëren de klachten tussen mild griepachtig tot een ziekte met ernstiger beloop. Bij een ernstiger verloop treden meestal pneumonie of hepatitis op, maar aangezien Q-koorts een gegeneraliseerde infectieziekte is met verspreiding via bloed, kunnen symptomen zich vanuit alle orgaan-systemen voordoen. Een klein percentage (ongeveer 2%) van de geïnfecteerden ontwikkelen chronische Q-koorts, een ernstig ziektebeeld met voornamelijk cardio-vasculaire pathologie. Ook kan infectie leiden tot het Q-koorts vermoeidheidssyndroom.

2.16.1 Humane meldingen

In 2017 werden 22 patiënten met acute Q-koorts gemeld in Osiris, een vergelijkbaar aantal als in de jaren 2013-2016, waarin jaarlijks 14 tot 26 patiënten gemeld werden (Figuur 2.16.1). Van de gemelde patiënten had 36% de ziekte waarschijnlijk in het buitenland opgelopen (Tabel 2.16.1). Daarmee ligt het percentage buitenlandse besmettingen wat hoger dan in de jaren 2013-2016, toen het percentage buitenlandse besmettingen tussen de 10 en 21% lag. Tijdens de epidemie van 2007-2010 lag dit percentage echter nog lager, toen varieerde dit namelijk van 0,2 tot 2,7%.

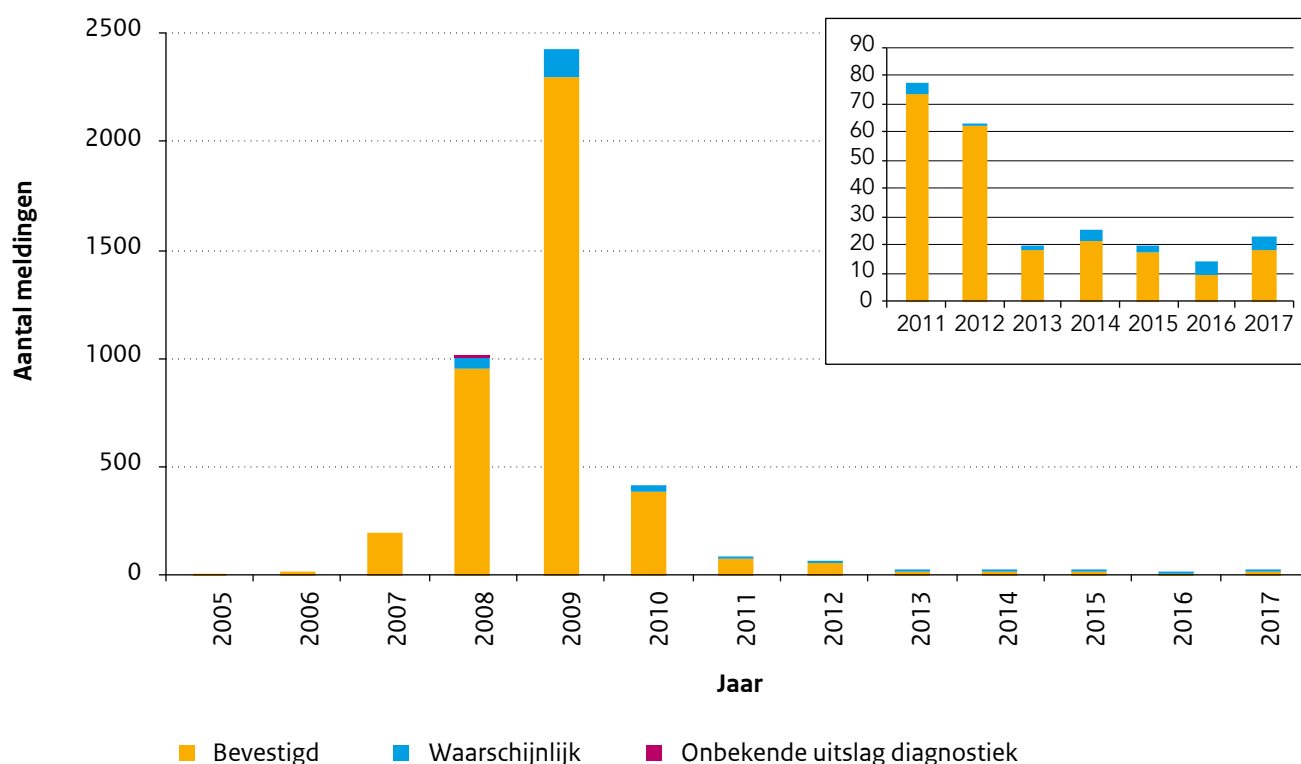
Drie meldingen in 2017 hadden een epidemiologische link. Deze patiënten maakten deel uit van hetzelfde gezin en woonden en/of werken alle drie in hetzelfde huis in de gemeente Bodegraven-Reeuwijk. Ondanks nader onderzoek van GGD, NVWA, RIVM, WBVR en GD naar dit kleine cluster, kon uiteindelijk niet één bepaalde besmettingsbron gevonden worden. In paragraaf 3.2 wordt dit cluster en het brononderzoek in meer detail beschreven.

Behalve dit gezinscluster, was er verder geen geografische clustering van binnenlandse patiënten (patiënten die de infectie niet in het buitenland hadden opgelopen). Deze patiënten woonden in 11 verschillende GGD-regio's.

In Nederland bestaat geen systematische surveillance van sterfgevallen ten gevolge van Q-koorts. In de Osiris-database worden alleen patiënten met acute Q-koorts gemeld. Als op het moment van melden bekend is dat het om een overleden patiënt gaat met acute Q-koorts, wordt dit gerapporteerd in Osiris. In 2017 zijn er geen overlijdens gerapporteerd in Osiris. Het merendeel van de sterfgevallen zullen echter patiënten zijn met chronische Q-koorts. Een betere schatting van het aantal sterfgevallen is beschikbaar vanuit de landelijke database die beheerd wordt door onderzoekers vanuit het UMC Utrecht, het Radboudumc en het

Jeroen Bosch ziekenhuis. Q-koorts-experts van die ziekenhuizen hebben op basis van de database vastgesteld dat de afgelopen tien jaar 74 patiënten zeker of waarschijnlijk aan Q-koorts zijn overleden. Evenals in voorgaande jaren was het aantal diagnoses van *Coxiella burnetii* in de virologische weekstaten (n=65) in 2017 hoger dan het aantal meldingen in Osiris. De discrepantie was in 2017 echter wel een stuk minder groot dan in de jaren daarvoor. In 2016 bijvoorbeeld, werden nog 89 diagnoses aan de virologische weekstaten gerapporteerd, terwijl er toen 14 meldingen in Osiris waren. De meest waarschijnlijke verklaring voor het verschil in aantallen in beide surveillancesystemen is dat de Osiris meldingen alleen acute Q-koortspatiënten betreffen, waarbij sprake moet zijn van koorts, pneumonie of hepatitis in combinatie met een positieve laboratorium uitslag. De virologische weekstaten bevatten daarentegen ook positieve laboratoriumresultaten van patiënten die mogelijk in het verleden infecties hebben doorgemaakt en die bijvoorbeeld getest werden om chronische Q-koorts uit te sluiten. Daarbij zijn dan wel aanwijzingen voor eerder doorgemaakte acute Q-koorts infectie gevonden, maar geen passend klinisch beeld, waardoor het niet in Osiris gemeld is. Een verhoogd aantal *C. burnetii*-diagnoses in de virologische weekstaten na de Q-koortsepidemie is daarom niet onverwacht.

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



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

Jaar	Aantal meldingen ^a	Incidentie per 100.000 inwoners	Mediane leeftijd in jaren (1e en 3e kwartiel)	Aantal mannen (%) ^b	Aantal besmet in het buitenland (%) ^b	Ziekenhuisopname (%) ^b
2017	22	0,13	53 (28 – 64)	16 (73)	8 (36)	13 (59)
2016	14	0,08	49 (30 - 66)	11 (79)	3 (21)	7 (50)
2015	20	0,12	58 (39 - 70)	9 (45)	2 (10)	12 (60)
2014	26	0,15	57 (39 - 70)	21 (81)	5 (19)	17 (65)
2013	20	0,12	52 (39 - 64)	13 (65)	3 (15)	15 (75)
2012	63	0,38	52 (43 - 64)	48 (76)	5 (8)	33 (52)
2011	77	0,46	50 (40 - 64)	49 (64)	6 (8)	42 (55)
2010	411	2,48	49 (39 - 59)	220 (54)	8 (2)	96 (24)
2009	2.424	14,7	49 (38 - 59)	1.477 (61)	5 (<1)	467 (20)
2008	1.003	6,11	50 (41 - 59)	643 (64)	9 (<1)	204 (21)
2007	195	1,19	52 (42 - 61)	119 (61)	5 (3)	89 (46)

a Datum waarop de meldingen ingedeeld zijn = datum eerste ziektedag, of, indien deze ontbreekt, datum van melding of datum van laboratoriumbevestiging (afhankelijk van welke van datum eerst was).

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

2.16.2 Q-koorts veterinair

Alle schapen en geiten van door de wet aangewezen schapen- en geitenmelkbedrijven en alle bedrijven die voldoen aan de definitie van publieksbedrijf, moeten elk jaar vóór 1 augustus verplicht worden gevaccineerd tegen Q-koorts door de houder.

Volgens de Gwwd zijn onderzoeksinstellingen, dierenhouders (ook hobbyhouders) en dierenartsen verplicht verdenkingen van Q-koorts te melden bij de NVWA. Een afwijkend aantal abortussen (verwerpers) bij schapen en geiten is, volgens de Gwwd, meldingsplichtig (zie paragraaf 2.2). In 2017 zijn bij de NVWA geen meldingen binnengekomen van bedrijven met een afwijkend aantal verwerpers.

Alle bedrijven met meer dan vijftig melkgeiten of -schapen zijn verplicht mee te doen aan het tankmelk monitoringsonderzoek dat uitgevoerd wordt door de GD. Een positieve of dubieuze uitslag wordt na bevestiging door het WBVR aan de NVWA gemeld. De NVWA bezoekt hierna het bedrijf en neemt een ambtelijk tankmelkmonster, dat wordt onderzocht bij het WBVR. Als het WBVR de Q-koortsbacteriën ook in dit tweede melkmonster aantoonst, wordt het bedrijf besmet verklaard. In 2017 zijn er vier meldingen van een positief tankmelkmonster binnengekomen. De NVWA heeft bij drie bedrijven onderzoek verricht naar de bacterie, maar deze werd daarbij niet aangetoond. Het vierde bedrijf kon niet door middel van tankmelk onderzoek officieel door de NVWA bemonsterd worden aangezien de dieren niet gemolken werden en de melk dus niet in de melktank verzameld werd in het voorjaar van 2018. Alle dieren op het bedrijf zijn gevaccineerd. Het bedrijf houdt

een verdacht status totdat de NVWA het tankmelk onderzoek heeft kunnen uitvoeren. In 2016 heeft de NVWA het laatste door Q-koorts geblokkeerde bedrijf vrijgegeven, omdat onderzoek van de tankmelkmonsters een jaar lang negatief verlopen was. Hiermee is de uitbraak 2007-2010 afgesloten.

Wanneer bij een humane patiënt met Q-koorts een mogelijke veterinaire bron kan worden aangewezen, verzoekt de GGD de NVWA om een brononderzoek uit te voeren. De NVWA onderneemt actie wanneer er tenminste twee patiënten zijn die aan een bepaalde locatie te linken zijn.

De GGD heeft in 2017 acht meldingen van humane patiënten gedaan bij de NVWA. Behalve bij het bovenbeschreven gezinscluster is door de NVWA geen actie op deze meldingen ondernomen, vanwege verschillende redenen. Geen van de patiënten had bijvoorbeeld direct contact met dieren gehad. In twee gevallen waren er ook geen locaties met dieren in de directe omgeving, tweemaal was er geen aanwijzing dat de dieren in de omgeving besmet waren met *C. burnetii*, bijvoorbeeld omdat ze gevaccineerd waren en eenmaal was de diagnose bij de patiënt onzeker waardoor er geen verder brononderzoek in de omgeving is uitgevoerd.

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

Diersoort	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017
Vleermuizen	7/164	14/205	4/36	3/21	5/28	9/26	9/24
Vossen	0/6	0/4	0/1	0/0	0/2	0/4	0/2
Honden	0/9	1**/8	0/6	0/3	0/8	0/7	0/6
Katten	0/6	0/14	0/4	0/4	0/6	0/10	0/3
Andere diersoorten	0/12	0/2	0/1	0/0	0/5	0/0	0/1

* WHO gegevens (<http://www.who-rabies-bulletin.org>). Discrepancies in andere rapportages kunnen ontstaan door de manier van rapporteren van de verschillende instanties (uitgangspunten, rapportagemoment, etc.).

** Geïmporteerde pup uit Marokko.

2.17 Rabiës

2.17.1 Rabiës bij de mens

Rabiës (hondsdolheid) is een zoönose met een mortaliteit van tienduizenden personen per jaar wereldwijd.⁷² Er bestaan verschillende typen van het rabiësvirus, samengebracht in de groep lyssavirussen. Het klassieke rabiësvirus komt vooral voor bij honden. Naar verwachting hebben alle lyssavirussen één of meerdere vleermuissoorten als gastheer. De incidentie van humane rabiës in Nederland is erg laag. In de laatste dertig jaar zijn slechts vier gevallen vastgesteld, veroorzaakt door het klassieke rabiësvirus en het Duvenhagevirus. Alle vier personen waren in het buitenland besmet. Het laatste geval was in 2014. Een Nederlandse vrouw werd in India door een hond gebeten. De vrouw was niet gevaccineerd en had niet de volledige post-expositie profylaxe gekregen waarna zij vervolgens in Nederland aan de infectie overleed.

2.17.2 Rabiës bij dieren

In Nederland is het klassieke rabiësvirus geëlimineerd in wilde en gedomesticeerde dieren. Specifieke vleermuis-gerelateerde rabiësvirussen, European Bat Lyssa Virus (EBLV) 1 en 2, komen wel endemisch voor. Het risico voor de mens op rabiës via dit virus blijkt erg klein, desalniettemin wordt direct contact met vleermuizen ontraden. Bij een verwonding (krab, beet) door een vleermuis dient advies bij de GGD of huisarts ingewonnen te worden voor een eventuele preventieve behandeling.⁷³

Tabel 2.17.1 geeft het aantal positieve dieren weer, getest door middel van directe IFT, ten opzichte van het totaal aantal onderzochte dieren naar aanleiding van verdenkingen gemeld bij de NVWA. De NVWA is verantwoordelijk voor het internationaal rapporteren van dieren die onderzocht zijn door middel van de immunofluorescentietest. De directe IFT is op dit moment de 'gouden standaard' test en deze wordt aangeraden door zowel de WHO als de OIE.⁷⁴

De NVWA laat sinds 2013 enkel vleermuizen onderzoeken die (vermoedelijk) in contact zijn gekomen met mensen. In 2017 betrof dit 17 vleermuizen waarvan twee het EBLV-virus bij zich droegen. Daarnaast heeft het Nationaal Referentielaboratorium (WBVR) zeven positieve vleermuizen in 2017 gemeld aan de NVWA. Dit zijn bijvoorbeeld ziek of dode gevonden vleermuizen, ingezonden door een opvangcentrum, waarbij er geen contact is geweest met mensen. Het Nationaal Referentie Laboratorium (WBVR) onderzoekt meer vleermuizen op jaarbasis door middel van PCR. De prevalentie van EBLV onder de Nederlandse vleermuispopulatie is op dit moment gemiddeld 6,7% (3-15%). Van 2 van de 16 in Nederland voorkomende vleermuissoorten, de laatvlieger (*Eptesicus serotinus*) en de meervleermuis (*Myotis dasycneme*), is vastgesteld dat ze met EBLV besmet kunnen zijn.^{75,76}

2.18 Salmonellose

2.18.1 Humane salmonellose en uitbraken

Salmonella spp. kunnen verschillende ziektebeelden veroorzaken. De *Salmonella*'s die vooral gastro-enteritis veroorzaken en waar deze paragraaf betrekking op heeft, worden aangeduid als non-typhoidale *Salmonellae*. Deze *Salmonellae* worden onderverdeeld in serotypen op basis van verschillen in O en H antigenen.⁷⁷ De voor de mens pathogene *Salmonella* behoren tot *S. enterica*. Veelal wordt alleen het serotype als naam gebruikt, zoals *S. Typhimurium* (= *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serotype Typhimurium). Veel dieren zoals pluimvee, reptielen en andere (landbouw-)huisdieren zijn asymptomatische dragers van *Salmonella* spp. en scheiden de bacteriën uit via de feces. De infectie route is feco-oraal. Mensen kunnen dus besmet raken door direct of indirect contact met besmette dieren of dierlijke feces. Ook kunnen ze een besmetting oplopen door consumptie van

besmette dierlijke producten (vlees, eieren) of met mest/ feces besmet water en voedselproducten (rauwkost, fruit, kruiden). Kruisbesmetting door onvoldoende keukenhygiëne is daarbij een belangrijke oorzaak van het besmet raken van rauw te consumeren voedsel. Inname van *Salmonella* kan leiden tot gastro-enteritis met buikpijn, diarree en bloed bij de ontlasting. Ook kan salmonellose gepaard gaan met een griepachtig ziektebeeld. In de meeste gevallen stoppen de klachten vanzelf binnen een week en wordt antibiotica gebruik niet geadviseerd. Bacteriëmie is zeldzaam, evenals post-infectie reactieve artritis.⁷⁸

Inzicht in de trend van salmonellose wordt verkregen via de laboratoriumsurveillance die door het Centrum Infectieziektebestrijding (CIb) binnen het RIVM sinds de jaren tachtig wordt uitgevoerd, met een geschatte dekkingsgraad van 64% van de Nederlandse bevolking (voor laboratoriumbevestigde salmonellose). Incidentele gevallen van humane salmonellose zijn in Nederland, in tegenstelling tot diverse andere Europese landen, niet meldingsplichtig. Salmonellose is alleen meldingsplichtig indien het een humaan cluster van 2 of meer gerelateerde gevallen betreft met een oorsprong in consumptie van besmet voedsel of drinkwater. Trends van *Salmonella* bij de mens worden het best beschreven in relatie tot hun bronnen. Als Nationaal Referentie Centrum voor *Salmonella* ontvangt het RIVM ook isolaten voor typering van runderen, varkens, pluimvee en huisdieren, inclusief reptielen. Daarnaast komen er isolaten uit andere landbouwhuisdieren zoals paarden, geiten, schapen en eenden, en uit omgevingsmonsters en voedingsmiddelen binnen. De isolaten komen uit een diversiteit aan monitoringprogramma's op boerderijen, slachthuizen en bij supermarkten. Vaak zijn deze programma's onderdeel van het werk van de GD, de NVWA en het RIVM, maar isolaten worden ook ingestuurd door de FD, dierentuinen en diervoederindustrie. Periodiek worden de humane gegevens zoals serotypering, moleculaire typering en resistentie (bepaald door WBVR) verstuurd naar de ECDC. Deze gegevens zijn nu beschikbaar voor het publiek en kunnen worden bestudeerd, geaggregeerd op serotype, leeftijd, geslacht, periode en land.⁷⁹ Vergelijkbare gegevens uit landbouwhuisdieren en voedsel, bepaald door de NVWA, worden jaarlijks verstuurd naar de EFSA. Jaarlijks word een update van de gegevens bij mens en dier en in voedsel gegeven in het Infectieziekten Bulletin⁸⁰ (vergelijk Tabel 2.18.1 en Tabel 2.18.2).

2.18.1.1 Ziekteelast

Diverse epidemiologische onderzoeken in de afgelopen 20 jaar hebben het mogelijk gemaakt om op basis van de laboratoriumbevindingen te schatten hoeveel mensen in de algemene bevolking acute gastro-enteritis

krijgen door *Salmonella*, daarmee naar de huisarts gaan, in het ziekenhuis belanden en komen te overlijden. Ook de ziekteelast in DALY's en COI kunnen zo geschat worden. In Tabel 2.10.2 is dit voor *Salmonella* en *Campylobacter* geschat voor 2015, 2016 en 2017, op basis van surveillancegegevens voor het betreffende jaar. Voor 2017 wordt het aantal gevallen van acute gastro-enteritis veroorzaakt door *Salmonella* in de bevolking geschat op 27.440. Dit komt overeen met 1.239 DALY's; de COI zou in 2017 neerkomen op € 19 miljoen.³⁴ Voor *Campylobacter* is het aantal gevallen van acute gastro-enteritis en de DALY en COI ongeveer 3 maal zo hoog als voor *Salmonella*; aantallen ziekenhuisopnames voor de species van beide genera zijn vergelijkbaar. Voor *Salmonella*-infecties wordt geschat dat naast reizen, milieu contact en persoon-persoon overdracht, ruim de helft van de infecties direct via het voedsel komt; voor *Campylobacter*-infecties is dit ongeveer een derde.

2.18.1.2 Trends humane salmonellose en uitbraken

In 2017 was het aantal ingestuurde *Salmonella*-isolaten van humane patiënten in Nederland lager dan in 2016 en vergelijkbaar met 2014 en 2015; binnen de laboratoriumsurveillance werden 968 isolaten ingestuurd, landelijk naar schatting ongeveer 1.513 isolaten (Figuur 2.18.1, Tabel 2.18.3). Dit is een verdere stabilisatie na een lange periode van geleidelijke afname bij gelijkblijvend aantal inzenders, terwijl de feces diagnostiek juist is toegenomen (vergelijk Tabel 2.10.1). Deze trend wordt onderbroken door jaren met uitbraken zoals die in 2003, 2006, 2008, 2010, 2012 en ook in 2016.

In 2003 werd dit veroorzaakt door de import van besmette eieren uit Spanje tijdens de vogelpest. In 2006, 2008 en 2010, werd dit veroorzaakt door een reeks van grote uitbraken uit diverse bronnen en in 2012 door een grote uitbraak door met *S. Thompson* besmette gerookte zalm met ruim 1.100 geregistreerde patiënten (Figuur 2.18.1, Figuur 2.18.2, Tabel 2.18.1 en Tabel 2.18.3).⁸¹ In 2016 werd de verheffing die verder doorliep in 2017 vooral veroorzaakt door een grote internationale uitbraak van *Salmonella* Enteritidis (in Nederland vooral de MLVA types 02-09(10,11)-07-03-02). Deze uitbraak was gerelateerd aan Poolse eieren die geleverd waren aan restaurants (202 gerapporteerde cases in 2016 en nog eens 35 in 2017).⁸² Een wat kleinere uitbraak met *Salmonella* Bovismorbificans (n=53), begonnen in 2016 en doorlopend tot eind maart 2017 in Nederland en België bleek veroorzaakt door rauwe ham-producten die getraceerd konden worden naar een vleesproducent in België.⁸³ Bij het oplossen van beide uitbraken bleken de resultaten na WGS van de isolaten een sleutelrol te spelen. Een uitbraak met de monofasische *Salmonella* Typhimurium (MLVA type 03-12-09-00-211, n=21) bij jong volwassenen vond plaats aan de Duitse grens en betrof

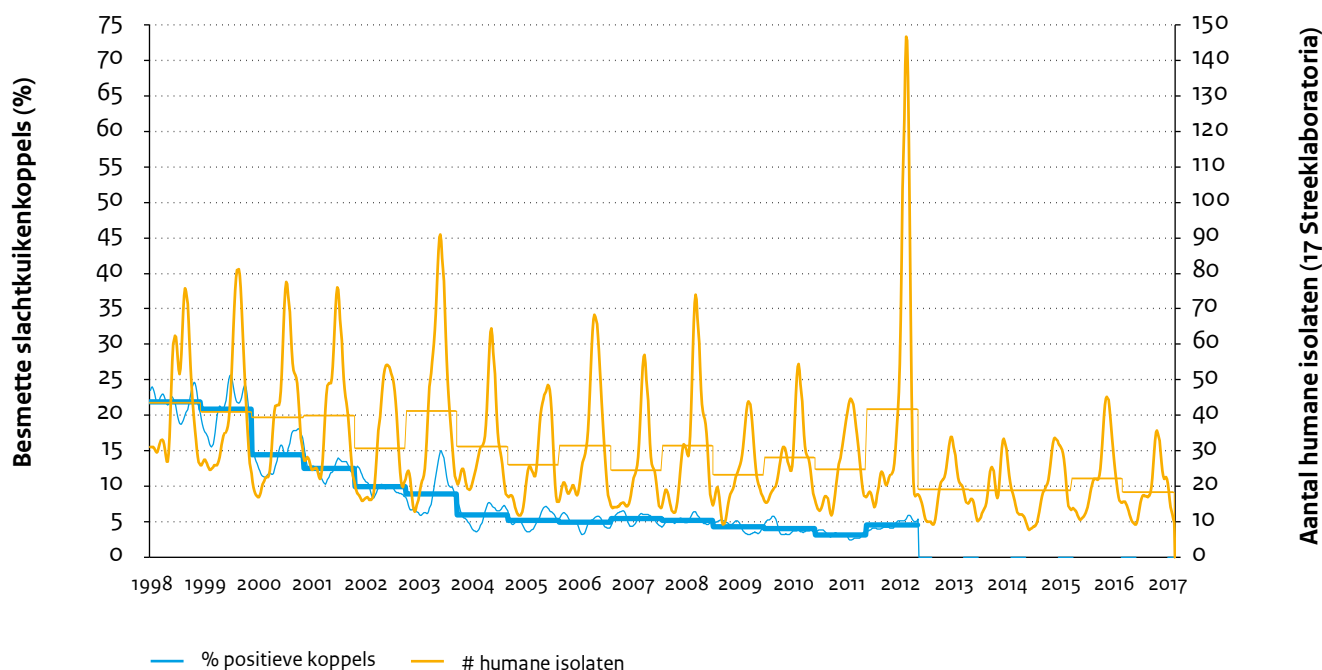
Tabel 2.18.1 De ontwikkeling van de belangrijkste *Salmonella*-serotypes in de mens. Serotypes waar significante verheffingen voor zijn gevonden zijn grijs gearceerd (vergelijk Tabel 2.19.4 en Figuur 2.19.2) (Bron: Laboratoriumsurveillance RIVM)

	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	Reis>2014
Totaal aantal	1648	1229	1466	1298	2204	994	986	979	1160	968	12%
Enteritidis	566	406	516	380	421	256	213	239	319	244	16%
Typhimurium	580	404	438	331	276	185	166	196	208	161	5%
SI 1,4,5,12:i:2-	95	86	138	262	321	158	207	156	197	172	4%
Typhi	9	11	10	7	7	10	12	9	7	9	23%
Paratyphi A	6	8	5	4	6	8	7	--	7	3	44%
Paratyphi B	6	6	4	4	2	2	1	3	2	2	22%
Agbeni	2	1	3	1	--	1	--	--	1	12	0%
Agona	3	4	5	5	8	5	6	9	13	6	33%
Anatum	6	--	5	3	2	6	1	3	--	1	33%
Bareilly	3	2	4	4	3	1	2	5	4	2	27%
Bovismorbificans	9	3	4	6	14	6	6	5	34	18	6%
Braenderup	5	1	8	6	8	7	4	9	9	4	26%
Brandenburg	7	4	6	4	11	15	20	7	9	6	6%
Chester	11	1	1	--	2	3	12	11	12	10	16%
Corvallis	14	10	14	13	10	6	7	6	5	7	40%
Derby	4	8	9	10	10	11	15	12	16	8	7%
Dublin	6	2	5	8	4	6	22	15	20	6	3%
Fresno	1	--	--	--	--	--	--	--	--	4	0%
Give	4	2	--	2	2	1	--	3	2	5	33%
Goldcoast	2	3	2	6	9	5	2	10	8	6	6%
Hadar	5	4	8	1	8	7	5	13	4	4	27%
Heidelberg	8	10	3	8	3	4	31	4	3	1	9%
Infantis	13	33	18	13	22	30	26	35	26	38	10%
Javiana	2	5	4	2	5	5	5	6	4	9	19%
Kentucky	20	14	14	14	11	17	6	9	31	26	29%
Kottbus	3	3	2	3	3	2	4	1	3	4	18%
Livingstone	2	3	2	1	6	1	4	3	3	4	3%
London	6	5	3	7	3	5	9	3	1	3	4%
Mbandaka	2	3	9	1	4	3	9	--	4	2	27%
Montevideo	4	4	6	4	16	3	1	4	4	8	22%
Muenchen	1	1	2	2	4	6	2	8	1	5	19%
Napoli	9	10	3	7	7	14	11	14	23	10	9%
Newport	12	25	21	29	20	12	12	9	11	18	21%
Oranienburg	11	3	7	8	9	3	6	16	5	5	19%
Panama	34	--	8	4	2	7	6	5	4	4	7%
Paratyphi B var. Java	10	8	9	15	6	10	7	13	26	17	34%
Poona	3	1	6	5	5	7	5	2	3	3	25%
Rissen	--	2	4	7	6	9	--	8	4	2	17%
Saintpaul	13	5	19	5	3	2	12	10	7	8	19%
Sandiego	1	3	2	4	2	2	3	3	4	--	13%
Schwarzengrund	7	--	5	3	3	3	1	4	6	4	36%
Senftenberg	6	2	1	--	2	3	2	3	4	1	17%
Stanley	7	12	6	7	16	12	7	16	9	11	37%
Thompson	6	3	7	--	803	25	7	5	7	4	3%
Virchow	22	15	10	1	9	10	9	5	8	8	30%
Weltevreden	5	4	6	4	4	2	1	2	7	4	41%
SI 9,12:l,v:2-	4	2	--	4	5	6	23	3	--	--	0%
SI 4,5,12:b:2-	6	9	11	4	4	10	7	8	13	13	22%
OVERIGE (235)	87	78	93	79	97	82	62	69	62	66	20%

Tabel 2.18.2 De ontwikkeling van de belangrijkste *Salmonella*-serotypes in landbouwhuisdieren, vergelijk Tabel 2.18.1.
(Bron: Laboratoriumsurveillance RIVM)

Serotypes	2011-2015				2016				2017			
	Varken	Rund	Slacht-kuiken	Leghen	Varken	Rund	Slacht-kuiken	Leghen	Varken	Rund	Slacht-kuiken	Leghen
Totaal aantal	762	311	736	309	63	58	98	112	163	80	160	24
Typhimurium	258	120	21	26	14	16	1	2	56	28	7	4
SI 1,4,5,12:i:-	207	55	27	14	33	14	13	3	86	10	5	7
Enteritidis	2	3	58	140		3	39	85		1	6	5
Paratyphi B var. Java	2	1	190	10		1	9	2		1	22	
Heidelberg			131				2				73	
Infantis	12	1	121	8	1		20	2	1		10	
Derby	140		10	3	5				5			
Dublin		97	1	2	1	17			1	27		
Brandenburg	39	3	8	1	4	3	1		2	1	5	
Goldcoast	38	7	3	1	1	2			1	1		
Livingstone	12		14	6	1				2			
Braenderup			3	29								
Minnesota			26	1			1	1			3	
Agona		1	14	11						1	1	
Indiana		2	22	1				2				
Mbandaka	1		12	5				2			1	
Anatum	5		5	3				1			3	
Rissen	8		2	3	2							
Montevideo		6	3					1		3		1
Jerusalem			1	2				4			5	
Newport		8	1				1			1	1	
Schwarzengrund			1				2				8	
Overig (59 serotypes)	38	7	62	43	1	2	9	7	9	6	10	7

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



vermoedelijk *fastfood*. Een verheffing van het in Europa opkomende ciprofloxacine resistente serotype *S. Kentucky* (n=14) vond plaats in een verpleeghuis. Doorgaans wordt deze infectie alleen bij reizigers gevonden. Van enkele kleinere verheffingen, *S. Infantis* (n=14), *S. Agbeni* (n=10) en *S. Newport* (n=8) kon geen bron worden gevonden.

Het aantal patiënten bij uitbraken is meestal het topje van de ijsberg; het werkelijke aantal gevallen van salmonellose veroorzaakt door zulke uitbraken ligt naar schatting ruim vijftien maal zo hoog. Tijdreeksanalyse en analyse van geografische clustering brengen meer mogelijke uitbraken aan het licht dan geregistreerd door GGD en NVWA.³³ In 2013 was dit geschatte aandeel van geclusterde patiënten met 4% heel laag terwijl dit ten tijde van de uitbraak met besmette zalm in 2012 bijna 50% betrof. In 2015, 2016 en 2017 met 22%, 25% en 19% was dit meer dan in 2013 en 2014 maar vergelijkbaar met de jaren voor 2012 (Tabel 2.18.3).

Ook het aantal vermoedelijke kleine uitbraken en daarbij betrokken personen was in 2015, 2016 en 2017 hoger dan in 2013 en 2014: respectievelijk 15 (waarvan 5 geografisch geclusterd), 17 (waarvan 10 geografisch geclusterd) en 23 (waarvan 6 geografisch geclusterd). In de afgelopen jaren werden door het jaar heen diverse regionaal diffuse clusters gezien van *S. Typhimurium*, met name van de monofasische variant, en ook van *S. Enteritidis*.

Binnen de serotypes *S. Typhimurium* en *S. Enteritidis* is MLVA heel geschikt om clusters van patiënten te onderscheiden met een mogelijk gemeenschappelijke bron; sommige clusters werden ook in het buitenland gesignaleerd in EPIS van het ECDC.⁸⁴ Eind 2015 is met succes gestart met het internationaal nader onderzoeken van zulke clusters met WGS, wat blijkt uit bovengenoemde uitbraken in 2016 en 2017.

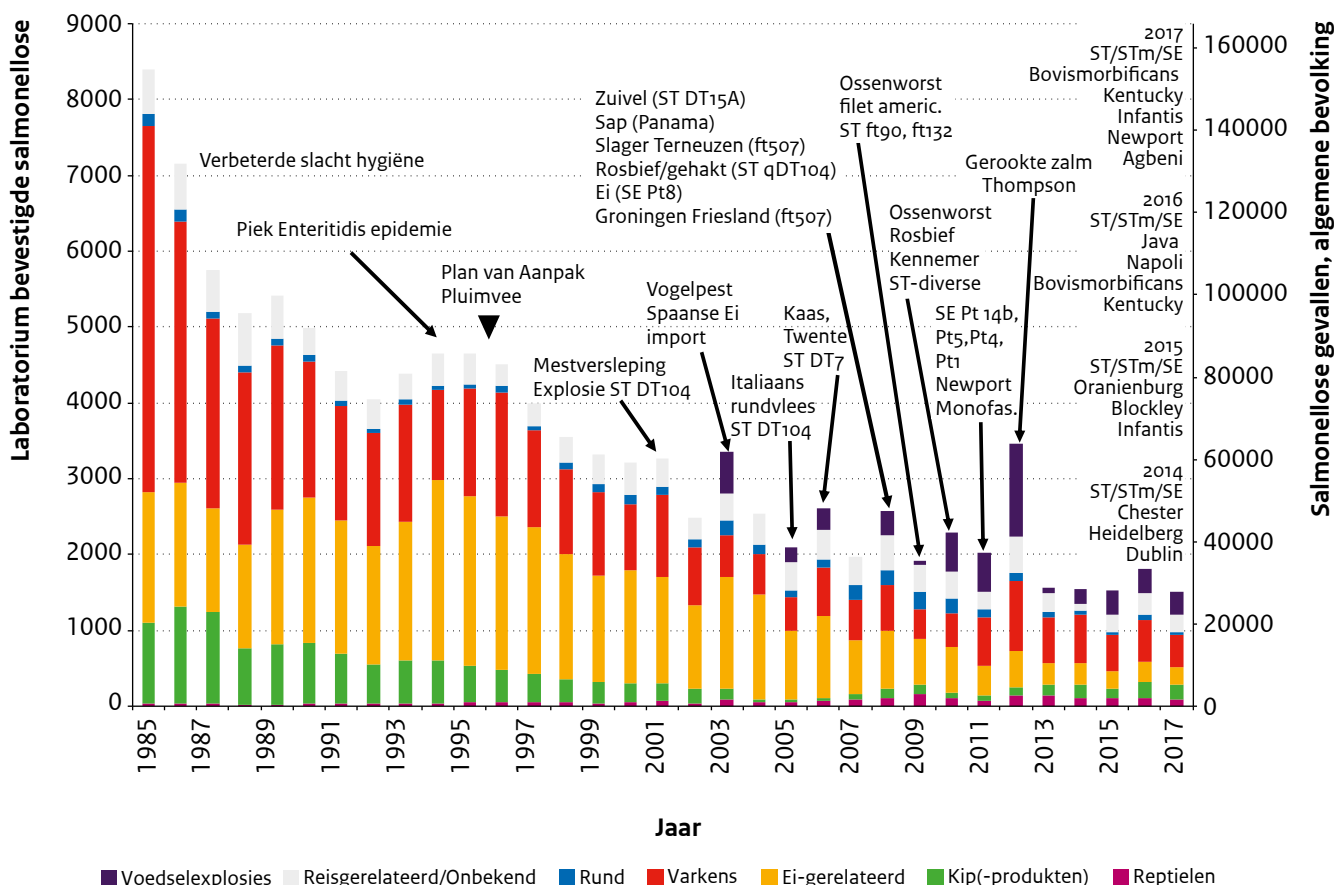
2.18.2 *Salmonella* bij dieren en dierlijke producten

Naast surveillance van *Salmonella* bij de mens vindt ook monitoring plaats van dieren en dierlijke producten. Een belangrijk deel van de afname van *Salmonella*-infecties bij de mens lijkt te kunnen worden verklaard door het *Salmonella*-bestrijdingsprogramma in pluimvee (Figuur 2.18.1). In alle schakels van de productieketen toont zowel de monitoring van de PVE (gestopt na 2012) als de monitoring van de NVWA in de detailhandel een aanzienlijke afname van *Salmonella*-besmettingen (Tabel 2.18.4).

2.18.2.1 Pluimvee

De bestrijding van zoönotische *Salmonella* bij pluimvee is op Europees niveau gereguleerd in Verordening (EG) nr 2160/2003 en de daarop gebaseerde uitvoerings-verordeningen (EG) nr 200/2010 en (EG) nr 517/2011. Door het opheffen van de Productschappen per 1 januari 2015 wordt de bestrijding sinds die datum uitgevoerd door de

Figuur 2.18.2 Geschatte bijdrage aan de humane, laboratoriumbevestigde salmonellose (linker y-as) door reizen (of onbekend), landbouwhuisdieren of hun producten. Omvangrijke explosies die niet representatief zijn voor de *Salmonella*-status van de Nederlandse vee- en pluimveestapel, zijn in donkerpaars aangegeven (Bron: Laboratoriumsurveillance RIVM).



NVWA. Voor pluimvee geldt een monitoringsplicht. Wanneer een laboratorium in een monitoringsmonster of in een ander ingestuurd monster één van de specifiek genoemde *Salmonella* serotypen aantoon, moeten zij dit melden bij de NVWA. Deze meldingsplicht gaat op stalniveau en wordt als zodanig afgehandeld. De houder kan kiezen of hij verificatie onderzoek aanvraagt voor de verdachte stal of dat hij de besmetting accepteert. Wanneer er bij een bedrijf naast de verdachte stal nog overige stallen aanwezig zijn dan worden deze ook door de NVWA bemonsterd. Als de NVWA een stal onderzoekt wordt naast microbiologisch onderzoek ook onderzoek uitgevoerd naar de aanwezigheid van antibiotica residuen. Hiervoor worden per stal 5 kippen onderzocht. Mochten residuen van relevante antibiotica aangetoond worden dat kan de stal ook hierop besmet verklaard worden, ondanks een negatieve uitslag van het microbiologisch onderzoek. Vanaf 1 januari 2018 wordt dit onderzoek vervangen door een controle van het logboek op toediening van antibiotica aan het koppel.

Legkoppels

Voor legkoppels geldt een monitoringsverplichting waarbij eens in de 15 weken monsters genomen worden. Deze monsters mogen door de veehouder zelf genomen worden. Maximaal 3 weken voor slacht wordt het koppel bemonsterd door een dierenarts. De monsters worden ingestuurd naar een erkend laboratorium voor onderzoek op de aanwezigheid van *S. Enteritidis* en *S. Typhimurium*. In 2017 zijn er 49 verdachte stallen gemeld op 39 legbedrijven. Van de 49 verdachte stallen werd voor 26 stallen verificatie onderzoek aangevraagd, hierbij werd 10 maal de besmetting bevestigd en was 16 maal het verificatie onderzoek negatief. Voor 23 stallen werd de besmetting door de houder geaccepteerd. Naast de verdachte stallen zijn in 2017 ook 62 overige stallen door de NVWA onderzocht. Hierbij werd in 3 stallen een *Salmonella* besmetting aangetoond. Toont verificatie onderzoek een besmetting aan of accepteert de houder de besmetting dan heeft hij de keuze óf het koppel vervroegd als positief koppel laten

Tabel 2.18.3 Regionale en diffuse uitbraken geconstateerd binnen de Laboratorium Surveillance RIVM (dekkingsgraad ~64%) en het aantal betrokken (extra) gevallen van salmonellose dan verwacht in de periode van het cluster.

	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017
Totaal (regionaal)	23 (9)	19 (6)	17 (7)	21 (5)	20 (5)	5 (2)	11 (4)	15 (5)	17 (10)	23 (6)
Isolaten (% in clusters)	1.648 (33%)	1.229 (13%)	1.466 (23%)	1.299 (26%)	2.207 (49%)	995 (4%)	985 (13%)	978 (22%)	1.158 (25%)	968 (19%)
Aantal cases in clusters (excess)	653 (551)	202 (163)	522 (342)	523 (332)	1278 (1091)	63 (41)	178 (125)	374 (217)	319 (285)	251 (181)

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

	1997-2005	2006-2010	2012		2013		2014		2015		2016		2017	
			Vlees	Vlees bereiding	Vlees	Vlees bereiding	Vlees	Vlees bereiding	Vlees	Vlees bereiding	Vlees	Vlees bereiding	Vlees	Vlees bereiding
Samplegrootte	12.348	6.846	564	672	600	595	586	632	593	674	208	269	231	251
% <i>Salmonella</i> spp.	15,8	7,3	6,6	5,4	3,2	3,2	3,9	2,7	3,9	3,6	2,4	1,9	3,0	1,6
Paratyphi B Java (%)	32,7	59,6	43,2	52,8	52,6	42,1	43,5	29,4	26,1	20,8	20	20	14	
Enteritidis (%)	11,4	5,8	10,8	5,6	10,5	31,6			4,3					
Hadar (%)	4,4	2,7												
Indiana (%)	7,5	3						5,9						
Infantis (%)	7,3	10	40,5	36,1	26,3	21,1	52,2	58,8	56,5	70,8	60	40	57	75
Virchow (%)	5,5	4,2										40		
Typhimurium (%)	4,9	0,8		2,8	5,3				4,3					
Andere types (%)	26,3	13,9	5,5	2,7	5,3	5,2	4,3	5,9	8,8	8,4			29	25

slachten óf het koppel de leggronde laten afmaken. Kiest de houder voor uitleggen met het koppel dan mogen gedurende de rest van de leggronde de eieren uitsluitend worden afgevoerd naar een eiverwerkend bedrijf waar de eieren eerst verhit worden voordat ze verder verwerkt worden. Het koppel moet na de leggronde als positief koppel worden geslacht.

Hiernaast was er nog 1 melding van een opfoklegkoppel, maar het koppel bleek negatief.

Vermeerderingskoppels

Voor vermeerderingskoppels gold in 2017 een verhoogde monitoringsverplichting waarbij eens in de twee weken monsters genomen moeten worden. Deze verplichting is verhoogd omdat er in 2015 in deze keten meer dan 1% *Salmonella* besmettingen waren op stalniveau. Deze monsters mogen door de veehouder zelf genomen worden, met uitzondering van de laatste monsternamen

voor slacht die door een dierenarts genomen moet worden. De monsters worden ingestuurd naar een erkend laboratorium voor onderzoek op *S. Enteritidis*, *S. Typhimurium*, *S. Infantis*, *S. Hadar*, *S. Virchow* en voor ouderdieren van vleeskuikens ook *S. Java*. In 2017 zijn 2 stallen van 2 bedrijven aan de NVWA gemeld waarbij één van bovenstaande *Salmonella* serotypen werd aangetoond. De NVWA heeft vervolgens alle verdachte stallen bemonsterd, waarbij in geen van de stallen de besmetting werd bevestigd.

In 2017 werden ook 5 stallen van 3 opfokvermeerderingsbedrijven gemeld. Twee stallen bleken besmet en 1 stal had residuen van antibiotica, daarom werd die ook direct besmet verklaard.

Toont onderzoek uitgevoerd door de NVWA een *Salmonella* besmetting aan dan wordt het koppel vervroegd als positief koppel geslacht en industrieel verhit voordat verdere verwerking mag plaatsvinden.

2.18.2.2 Vlees en vleesbereidingen van pluimvee

Vanaf 2011 is ook gekeken in vleesbereidingen van pluimvee (gekruid of gemarineerd vlees) en kippengehakt; hierin werden vergelijkbare besmettingspercentages aangetroffen als in vers kippenvlees.

De *Salmonella*-serotypes Enteritidis en Typhimurium (inclusief de monofasische), vormen samen bij de mens ongeveer 60-80% van alle ingestuurde isolaten (Tabel 2.18.1) en zijn ook dominant bij landbouwhuisdieren (Tabel 2.18.2). In tegenstelling tot *S. Enteritidis* zijn de infecties met *S. Typhimurium* meestal niet reis-gerelateerd (Tabel 2.18.1). Op de derde plaats van meest voorkomende serotypes staat het sinds 2004 sterk opkomende antigeentype *S. enterica* subsp. *enterica* (subgroep I) serovar 1,4,[5],12:i:-. Dit type nam toe van 27 isolaten in 2005 tot 321 in 2012, waarna dit weer daalde tot ongeveer de helft daarvan in 2017. Ook bij varkens en in mindere mate bij runderen nam dit type sterk toe, een ontwikkeling die zich in tegenstelling tot bij de mens tot in 2017 voortzette. Al langere tijd wordt dit type ook gevonden in pluimvee. Het betreft een monofasische variant van *S. Typhimurium* en is in vele landen opkomend. Verder is bij landbouwhuisdieren, naast de toename van het monofasische type van *S. Typhimurium*, de kentering in de toename van *S. Derby* bij varkens en *S. Paratyphi B* var. Java bij slachtkuikens, opmerkelijk. Het voor de mens niet-tyfeuze serotype *S. Paratyphi B* var. Java was jarenlang het dominante serotype op kippenvlees. Dit multiresistente type, soms ESBL-producerend, wordt weinig bij de mens gevonden en is dan vaak reisgerelateerd (naar schatting 50%) (Tabel 2.18.1); met 26 keer in 2016 en 17 keer in 2017 was het echter nog nooit zo hoog. Bij kippenvlees uit de detailhandel was de fractie *S. Paratyphi B* var. Java tot in 2013 onverminderd hoog; het werd in ongeveer 50% van alle isolaten gevonden op kippenvlees in de winkel. Deze fractie is in beide monitoringen (humane en dieren/dierlijke producten) voor het eerst in jaren sinds 2014 lager, een trend die zich voortzette in 2017. Hier staat een sterke toename van *S. Infantis* op kippenvlees tegenover (Tabellen 2.18.2 en 2.18.4).

2.18.2.3 Surveillance Landbouwhuisdierenproject

In het kader van het gezamenlijke RIVM-NVWA-project 'Surveillance Landbouwhuisdieren' werd in 2016 onderzoek gedaan in mest van melk-producerende geiten en schapen (zie Staat van Zoönosen 2016²⁴) en in 2017 in mest van runderen ouder dan 12 maanden voor vleesproductie. Op 7 van 196 boerderijen (3,6%) waarvan mest van runderen werd onderzocht werden *Salmonella* stammen gevonden. Dit betrof 2 keer het monofasische type van *S. Typhimurium*, 3 keer *S. Montevideo*, 2 keer *S. Dublin*, 1 keer *S. Cubana* en 2 keer *S. Abortusequi*.

2.18.2.4 Levensmiddelenonderzoek

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

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

- In circa 2% van de monsters van vers vlees- en vleesbereidingen van kip is in 2017 *Salmonella* gevonden. Hierbij is het percentage voor vers vlees hoger dan voor vleesbereidingen (3,0% respectievelijk 1,6%).
- In 52 partijen geïmporteerd kipvlees bereidingen werd 9 keer *Salmonella* gevonden (17,4%). Dit betrof 5 keer *S. Heidelberg*, 2 keer *S. Typhimurium*, 1 keer *S. Minnesota* en 1 keer *S. Mbandaka*.

In Tabel 2.18.5 is een overzicht gegeven van de overige soorten (rauw) vlees die werden onderzocht afkomstig uit de detailhandel. Het gaat hier om vers vlees en vleesbereidingen van rund of kalf, varken en lam.⁸⁵ Hoewel er geen normen voor *Salmonella* gelden voor vers vlees van deze diersoorten, volgt de NVWA wel het voorkomen van onder andere *Salmonella* in dit type product. In gehakt vlees, vleesbereidingen en vleesproducten mag geen *Salmonella* zitten.⁵⁷

- In vers varkensvlees is de prevalentie in 2016 (0,4%) en in 2017 (0,7%) wederom laag (voorheen tussen 0,6% en 1,8%), terwijl deze voor lam met 1,8% in 2016 en 1,0% ook nog in 2017 juist hoog is in vergelijking met voorgaande jaren (voorheen slechts incidenteel). In vers rund/kalfsvlees is het percentage positieven al jaren niet meer dan 0,5% (in 2017 0,2%). Ook in andere onderzochte partijen vers vlees uit de retail is de prevalentie laag.
- In 290 partijen gehakt en vleesbereidingen (anders dan pluimvee) werd drie keer *Salmonella* gevonden (1,0%): *S. Paratyphi B* var. Java in rund; *S. Goverdhan* in varken en *S. Typhimurium* in kalf.
- In 281 partijen rauw te consumeren vlees, zoals filet américain, ossenworst en tartaar, werd 1 *Salmonella* gevonden (0,4%): *S. Dublin* in ossenworst.
- Bij de groothandel wordt zogenaamd 'exotisch vlees' bemonsterd, zoals kangoeroe, struisvogel, krokodil en kikker(billen). In zes van de 46 onderzochte partijen is *Salmonella* gevonden (13,0%): in 4 van de 5 partijen kikkerbillen (*S. Diarizonae*, *S. Hvittingfoss*, *S. Matopeni*, *S. Paratyphi B* var. Java), in 1 van 13 partijen kangoeroevlees (*S. Anatum*) en in 1 van 4 partijen krokodil (*S. Arizona*).

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

	2006-2012		2013		2014		2015		2016		2017	
	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +	n	% +
Rund en Kalf	6.155	0,9	433	0,5	420	0,0	488	0,0	507	0,4	504	0,2
Filet américain	4.883	0,4	--	--	--	--	--	--	99	1,0	105	0,0
Ossenworst	699	0,3	--	--	--	--	--	--	59	0,0	75	1,3
Varken	4.779	1,8	704	0,6	763	1,3	788	0,9	271	0,4	278	0,7
Lam	881	0,5	52	0	31	0,0	49	0,0	112	1,8	196	1,0

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

- Net als in 2015 en 2016 was de besmetting met *Salmonella* van de niet-vleesproducten het hoogst voor kruiden/specerijen. Hierbij waren 2 van de 37 partijen geïmporteerde verse kruiden (5,4%) positief voor *Salmonella*. Voor sesamzaad waren 8 van de 189 (4,2%) partijen positief. Dit is vergelijkbaar met 2016 (4/114 partijen; 3,5%). Voor gedroogde kruiden/specerijen waren geen van de bijna 300 monsters positief voor *Salmonella*. Dit was in 2016 0,7% (2/304 partijen).
- In tweekleppigen, bemonsterd in de detailhandel en groothandel, werd in 1 van de 320 (0,3%) monsters (Franse venusschelpen) een *S. Typhimurium* geïsoleerd.
- Bij ingevroren geïmporteerde gekweekte vis en tropische garnalen werd in 1 van de 18 (5,6%) monsters garnalen *S. Brunei* gevonden. In 18 monsters tilapia en 20 monsters pangasius werd geen *Salmonella* aangetoond.
- In 600 monsters verse groenten en maaltijd salades, waarvan 274 uit kiemgroenten, en 134 van gerookte vis en 107 van garnalen uit de detailhandel, werd geen *Salmonella* gevonden.

Naast surveillance van voedsel wordt ook in het geval van klachten of uitbraken de aanwezigheid van *Salmonella* onderzocht.³³ Bij onderzoek naar uitbraken zijn in 2017 de links gelegd met voedsel bij de uitbraken met Poolse eieren en rauwe ham-producten (zie Trends humane salmonellose en uitbraken).

2.18.3 Bronnen van besmetting

Ongeveer 80% van de *Salmonella*-infecties wordt veroorzaakt door het eten van besmet voedsel zoals onvoldoende verhitte eieren, rauwe vleesproducten en heel incidenteel door (voorgesneden) rauwe groenten en fruit. De geschatte bijdragen aan de humane salmonellose door reizen, landbouwhuisdieren en hun producten worden getoond in Figuur 2.19.2 en Figuur 2.19.3. Het bronattribuitemodel schat de frequentiedistributie van serotypes bij de mens uit die bij de bronnen. Daarbij betreft men ook het geconsumeerde volume, de

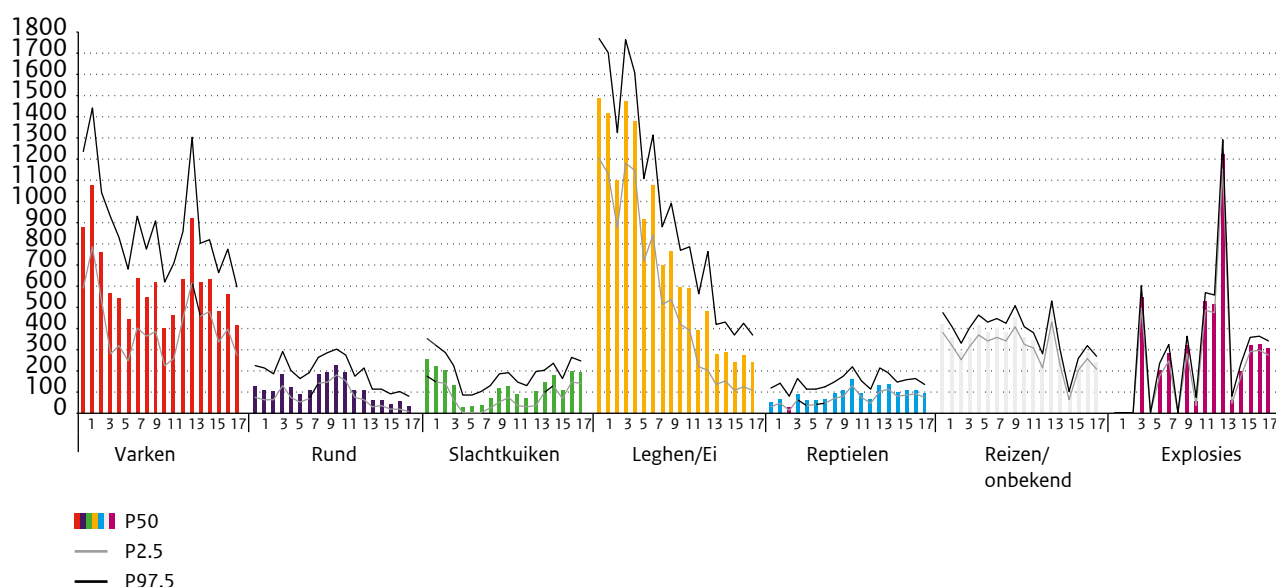
besmettingsgraad en de fractie van het voedsel wat rauw of goed doorbakken wordt geconsumeerd.^{86,87} Ook wordt het deel meegenomen dat wordt veroorzaakt door reptielen die als huisdier worden gehouden en waarbij besmetting optreedt via direct contact met de dieren of contact met een door de reptielen besmette omgeving (terrarium).⁸⁸

- Hoewel het de laatste vijf jaar niet meer de dominante bron lijkt, waren eieren, evenals in andere Europese landen de afgelopen twintig jaar, meestal de belangrijkste bron van salmonellose. Voor eieren geldt vanaf 2009 dat, indien afkomstig van *S. Enteritidis*/*S. Typhimurium*-positieve koppels, deze niet meer op de markt gebracht mogen worden als tafeleieren voor directe humane consumptie (EG-besluit 1237/2007). Zij zijn alleen geschikt voor de ei-verwerkende industrie. In de afgelopen 35 jaar was het aantal ei-gerelateerde infecties met ongeveer 15% nog nooit zo laag.
- Het aandeel van varkens was in 2017 28%. Slechts 2% was afkomstig van rund en 13% van kip.
- 5% van de *Salmonella*-infecties werd veroorzaakt door contact met reptielen. Het houden van reptielen is de laatste jaren sterk toegenomen.⁸⁸ Het aantal hieraan toegeschreven infecties was vóór 2000 minder dan 1% en werd vooral gevonden in 0-4 jarigen. Na 2000 steeg het aantal infecties tot ongeveer 8-9% en werden vooral volwassenen ziek.⁸⁸ Dit houdt waarschijnlijk verband met het houden van kleine schildpadden populair bij jonge kinderen in de vorige eeuw en de toename in het afgelopen decennium in het houden van andere soorten reptielen, vooral van slangen door volwassenen. *Salmonella* is een commensale darmbacterie bij reptielen. Om onduidelijke reden is het aantal *Salmonella* infecties door reptielen na 2015 sterk gedaald: 7% in 2016 en 5% in 2017.
- Afhankelijk van het serotype wordt minstens 12% van alle *Salmonella*-infecties in het buitenland opgelopen (Tabel 2.18.1, Figuur 2.18.2, Figuur 2.18.3).
- Van 4% kon de bron niet worden geschat.

2.18.4 Resistentieontwikkeling

De MARAN-rapportage over 2017 beschrijft de verdere toename van *Salmonella*-stammen die resistentie

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



vertonen tegen fluoroquinolonen.⁴⁵ Het totaal aantal ontvangen *Salmonella*-stammen (alle bronnen) met resistentie tegen derde generatie cefalosporines is vergelijkbaar met de drie voorgaande jaren, maar neemt geleidelijk toe bij de mens. Carbapenem-resistentie is tot dusverre nog niet in *Salmonella* waargenomen, ook niet in 2017. Het overdraagbare colistine-resistente gen *mcr-1* werd ook in 2017 niet gevonden.⁸⁹ Deze vier antibiotica-(groepen) zijn van belang voor effectieve behandeling van ernstige humane infecties. Multiresistentie werd het meeste gevonden bij *S. Heidelberg* (in geïmporteerd kippenvlees), *S. Kentucky* (meest reis-gerelateerd), *S. Typhimurium* (inclusief de monofasische variant), *S. Paratyphi B* variant Java (in kippenvlees, maar zelden bij de mens), *S. Infantis* en in minder mate in *S. Dublin* (vrijwel uitsluitend in rund). Alleen bij de mens werden in 2017 isolaten die verdacht werden van ESBL productie gevonden (2,5%, 31/1222 van 7 serovars). Dit betrof vooral *S. Kentucky* (meestal reis-gerelateerd) en *S. Typhimurium*. Het percentage ESBL-producerende isolaten bij de mens neemt geleidelijk toe. Dit was voor 2012 nog minder dan 1%. De ESBL-producerende dierlijke *Salmonella*-isolaten zijn uitsluitend afkomstig van geïmporteerd kippenvlees (68% van de isolaten in 2017, voornamelijk *S. Heidelberg*⁹⁰) en werd niet gevonden in vers vlees en vlees bereidingen van zowel pluimvee als runderen, varkens of lammeren. Ciprofloxacin-resistentie wordt het meest aangetroffen in isolaten bij de mens en bij de kip. Net als in voorgaande jaren zijn daarvoor de dominante serotypes *S. Enteritidis* (22%), *S. Infantis* (26%) en *S. Kentucky* (81%).

Conclusies

Sinds het begin van deze eeuw is het aantal humane gevallen van salmonellose meer dan gehalveerd en in 2017 het laagst ooit. Een ontwikkeling die gereflecteerd wordt door de bevindingen in de surveillance van landbouwhuisdieren en van vlees in de detailhandel. De bestrijdingsprogramma's bij landbouwhuisdieren en verbeteringen in de hygiëne van het voedselproductie proces hebben dus effect gehad. In de periode 2013 tot en met 2017 was de incidentie van bevestigde salmonellose gevallen 8,9-9,3 per 100.000 inwoners. In 2017 waren er naar schatting 27.440 patiënten met acute gastro-enteritis door *Salmonella*-infecties in de bevolking. Dit betekent dat Nederland een van de laagste incidenties van Europa heeft. *Salmonella* van varkens is hierbij waarschijnlijk de voornaamste bron (28%) met tafeleieren op een tweede plaats (15%). Deze gunstige ontwikkeling wordt echter onderbroken door jaren met soms omvangrijke voedsel gerelateerde uitbraken met hoge directe en indirecte maatschappelijke kosten. Daarnaast blijft de ontwikkeling van antibiotica resistentie een bron van zorg, voornamelijk de multiresistentie en ESBL-productie in verschillende serotypes, evenals de toename van *Salmonella*-stammen die resistent zijn tegen fluoroquinolonen. Ook nieuwe dreigingen steken de kop op. Zo was 1% van de salmonellose gevallen in de vorige eeuw gerelateerd aan het houden van reptielen. Dit is in deze eeuw opgelopen tot 9%, hoewel het in de afgelopen twee jaar weer afgenomen is tot 5% in 2017.

2.19 STEC

2.19.1 STEC bij mensen

Infecties met Shiga toxine-producerende *Escherichia coli* (STEC) kunnen asymptomatisch verlopen, maar ook tot milde tot ernstige (bloederige) diarree leiden. Gemiddeld ontwikkelt 2 tot 7% van de met STEC geïnfecteerde personen het Hemolytisch Uremisch Syndroom (HUS) met hemolytische anemie, thrombocytopenie en acute nierinsufficiëntie.⁹¹ De meest toegepaste methode voor subclassificatie is serotypering, die gebaseerd is op O-, en H-antigenen. Serotype O157 evenals de aanwezigheid van eae (*E. coli attaching-and-effacing* gen) en bepaalde typen stx (shigatoxinen) geven een verhoogd risico op HUS. Sinds januari 1999 bestaat er een humane surveillance van STEC O157-infecties in Nederland. In datzelfde jaar is STEC O157 ook humaan meldingsplichtig geworden. In 2007 is STEC non-O157 opgenomen in de surveillance. Per 1 juli 2016 zijn de meldingscriteria voor STEC gewijzigd, waarbij de focus van de meldingsplicht is vernauwd naar acute infecties met minimaal symptomen van diarree, bloed in de ontlasting en/of braken.⁹² Deze wijzigingen leiden ertoe dat de infecties met langdurige, vaak milde symptomen en (mogelijke) toevalsbevindingen niet langer meldingsplichtig zijn. Nadeel hiervan is dat er een trendbreuk in het aantal STEC-meldingen ontstaat. In 2017 is het aantal gemelde STEC-infecties verder gedaald ten opzichte van de voorgaande jaren (Figuur 2.19.1). In totaal werden 393 patiënten met een STEC-infectie gemeld. Het aantal STEC O157-infecties (n=58) is vergelijkbaar met 2016 (n=64) en iets lager dan in de periode 2012-2015 (n=77-90). Verder hadden 114 patiënten een bevestigde STEC non-O157 infectie, ten opzichte van 131 in 2016. Van de overige patiënten in 2017 kon de infectie niet bevestigd worden in het ingestuurde isolaat (n=47) of was er geen isolaat ingestuurd (n=173). Iets meer vrouwen (59%) dan mannen werden gediagnosticeerd met een STEC-infectie. Van de STEC O157-patiënten werd 40% opgenomen in een ziekenhuis (33-54% in eerdere jaren) ten opzichte van 21% van de STEC non-O157-patiënten (11-24% in 2009-2015). HUS werd gemeld voor 12 patiënten, waarvan 4 kinderen (1-4 jaar) en 8 volwassenen (33-84 jaar), en 67% hiervan was vrouw. Bij 5 HUS-patiënten was de O-typering bekend: 2x O157 (1 kind en 1 volwassene), O26 (kind), O183 (volwassene) en O niet-typeerbaar (volwassene). Twee volwassenen zijn overleden aan de STEC-infectie: een 81-jarige man en een 83-jarige vrouw, beiden met een niet-getypeerde STEC. Binnen STEC non-O157 werd STEC O26 (n=33; 29%) het meest gevonden, op afstand gevolgd door STEC O103 (n=9; 8%) en STEC O146 (n=8; 7%). STEC O26 is het enige type dat elk jaar in de top-3 voorkomt. Over de gehele periode 2007-2017 waren O26 (n=211; 15%), O91 (n=140; 10%), O103 (n=102; 7%), O146 (n=100; 7%) en O63 (n=93; 7%), na O157 (n=760), de 5 meest gevonden O-groepen.

2.19.2 STEC bij dieren en in voedsel

De NVWA onderzocht in 2017 in 23 projecten voedsel op de aanwezigheid van STEC. STEC wordt voornamelijk geassocieerd met vlees. Om deze reden ligt de focus van het STEC-onderzoek van de NVWA op diverse soorten vlees (vers vlees, gehakt vlees, vleesbereidingen⁵⁷). Hierbij wordt de aanwezigheid van STEC onderzocht in 25 gram product in de genomen monsters (detailhandel) of partijen (vijf monsters per partij). Een hoge prevalentie werd hierbij gevonden voor retail vers vlees van kleine herkauwers, waarbij in 18 van de 196 monsters (9,2%) een STEC isolaat werd gevonden. Beperkte monitoring op retail vleesbereidings-monsters van kleine herkauwers (gehakt, gekruid, etc.) laat een nog hogere prevalentie zien, met 5 isolaten in 29 monsters (17,2%). Voor retail kalfsvlees werd ook een hoog percentage positieve gevonden, waarbij 16 isolaten werden gevonden in 236 monsters (6,8%). Voor de andere retail vlees projecten was het percentage duidelijk lager; vlees voor rauwe consumptie (4/281; 1,4%), vers rundvlees (6/273; 2,2%) en gehakt en vleesbereidingen (3/265; 1,1%). Ook in pluimveevlees was het aantal positieven laag, slechts 3 van de 265 monsters bewerkt pluimveevlees (1,1%) en 0 van de 273 monsters vers pluimveevlees. In 2017 werden verder bij import exotisch vlees 2 monsters positief bevonden (46 monsters). In de monitoringsprojecten op visproducten (630 monsters), mosselen (63), oesters (28) en levende tweekleppigen (229) werd alleen in 1 monster levende tweekleppigen een isolaat gevonden. In de projecten op groenten en kruiden werden dit jaar enkel van rauw te consumeren groente 2 monsters positief bevonden. In totaal werden 56 isolaten in voedsel gevonden, met 31 verschillende O-groepen. Hierbij werd O146:H21 (n=8) het meest gevonden. Slechts 3 van deze isolaten zijn positief bevonden voor het eae-gen, waaronder de 2 isolaten uit rauw te consumeren groente.

Naast de projecten gericht op voedsel werden in het gezamenlijke NVWA-RIVM surveillance landbouwhuis-dierenproject in 2017 ook mest-monsters van vleesrunderen ouder dan 12 maanden onderzocht op aanwezigheid van STEC, waarbij STEC geïsoleerd werd bij 49 van de 196 geteste bedrijven (25,3%). Er werden in totaal 54 specifieke isolaten verkregen. De serotypes O136:H12 (n=8) en O157:H7 (n=8) werden het meest gevonden. De O136:H12 isolaten waren allen eae-negatief, in tegenstelling tot O157:H7 isolaten, waarvan er 6 eae-positief waren.

2.19.3 STEC attributie

Recent is een Nederlandse attributiestudie, inclusief patiënt-controle onderzoek uitgevoerd met gegevens en isolaten van patiënten en runderen, schapen en geiten, varkens en pluimvee uit de surveillance van 2011 tot en

met 2014.⁹³ Daaruit blijkt dat ongeveer de helft van de patiënten kan worden toegeschreven aan runderen als reservoir en de O-types O157, O26, O91 en O103 zelfs 61-75%. Ongeveer een kwart van de infecties kan worden toegeschreven aan schapen en geiten, maar van de STEC O146 infecties zelfs 71-77%. Varkens en pluimvee zijn kleinere reservoires van STEC. Kinderen onder de 5 jaren en mannen hadden een verhoogd risico op een STEC infectie. In de zomer en herfst, en op het platteland is het risico op een infectie het hoogst. Verdere risicofactoren waren consumptie van rundvlees, rauw of niet gaar vlees en salami en dergelijke worsten. Binnen de infecties toegeschreven aan runderen als reservoir waren consumptie van rundvlees en filet américain/ossensworst specifieke risicofactoren. Binnen het schapen en geitenreservoir waren dit consumptie van gehakt en rauw en ongaar vlees.

2.20 Toxoplasmose

Toxoplasmose, veroorzaakt door de obligaate intracellulaire protozoa *Toxoplasma gondii*, is wereldwijd één van de meest voorkomende (voedselgerelateerde) parasitaire zoönosen.^{94,95} De kat is de eindgastheer van deze parasiet. Na een eerste infectie scheidt een kat gedurende een paar weken in totaal miljoenen oöcysten uit met de feces, die in de omgeving eerst moeten rijpen voordat ze tot een nieuwe infectie kunnen leiden. In de tussengastheer (alle warmbloedigen, onder andere landbouwhuisdieren zoals schaap, geit, varken en rund) ontwikkelen zich cysten in verschillende weefsels (onder andere spieren, lever, hersenen). Knaagdieren, andere kleine zoogdieren en vogels zijn vooral belangrijk als bron van infectie voor de kat. Katten raken gemakkelijk geïnfecteerd door opname van weefselcysten⁹⁶ en jagen is het belangrijkste risico voor infectie bij katten in Nederland⁹⁷. Mensen kunnen geïnfecteerd raken via het eten van niet van tevoren ingevroren en niet goed verhit vlees waarin zich weefsel-cysten bevinden. Ook kan een infectie opgelopen worden door opname van rijpe oöcysten, bijvoorbeeld tijdens het tuinieren (met kattenfeces besmette grond) of consumptie van met oöcysten besmette groenten of fruit. Daarnaast kan er nog overdracht plaatsvinden via weefseltransplantaties. Bovendien kan *T. gondii*, als een vrouw voor het eerst een infectie oploopt tijdens de zwangerschap, via de placenta worden overgedragen op het ongeboren kind (congenitale infectie).

2.20.1 *Toxoplasma* bij mensen

Bij de meeste mensen verloopt een infectie asymptomatisch of geeft het milde klachten (moeheid, koorts en gezwollen lymfeknopen), maar er kan ook een ontsteking van het vaat- en netvlies van het oog

optreden. Een congenitale infectie kan leiden tot een miskraam of een kind geboren met afwijkingen aan het zenuwstelsel of de ogen. Deze afwijkingen in de ogen kunnen soms pas na tientallen jaren dusdanige klachten geven dat zij aan het licht komen. Ook bij mensen met een immuundeficiëntie door ziekte of medicamenteuze onderdrukking van het immuunsysteem voor bijvoorbeeld orgaantransplantaties, kunnen ernstige ziekteverschijnselen optreden. Op basis van de geschatte incidentie van twee kinderen met een congenitale toxoplasmose per 1.000 levendgeborenen per jaar behoort toxoplasmose tot een van de belangrijkste zoönotische en voedsel overdraagbare infecties in Nederland met een geschatte ziektelast van 3.620 DALY's per jaar.⁹⁸ Sinds 2016 is de DALY-berekening aangepast op basis van de nieuwe Europese *disability weights*, waarin de chronische sequelae ten gevolge van congenitale *Toxoplasma* infectie lager zijn in geschat dan voorheen.⁹⁹ Volgens deze nieuwe methode is de geschatte ziektelast 1.900 DALY's per jaar, waarmee toxoplasmose de belangrijkste voedsel overdraagbare ziekteverwekker is na *Campylobacter*.³⁴

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

2.20.1 *Toxoplasma* bij dieren

Een *T. gondii*-infectie verloopt bij dieren vaak symptomeloos, hoewel (congenitale) toxoplasmose met neurologische en oculaire verschijnselen of abortus kan optreden. Bij kleine herkauwers is het een belangrijke oorzaak van verwerpen.¹⁰⁰ Er is geen monitoringssysteem voor landbouwhuisdieren in Nederland. De gegevens van (kleine) herkauwers in Tabel 2.20.1 komen vanuit de klinische diagnostiek, evenals de gegevens van honden en katten. In een bronattributie studie is berekend dat binnen de vleesgerelateerde infecties in Nederland rundvlees een veel groter aandeel heeft aan humane *toxoplasma* infecties dan varkensvlees, schapenvlees en gemengde vleesproducten bij elkaar.¹⁰¹ Rundvlees is, in

Tabel 2.20.1 *Toxoplasma* in dieren

Diersoort	Positief/totaal geteste monsters (% positief)							
	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017
Runderen	0/206 (0%) ¹	0/210 (0) ¹	0/144 (0) ¹	0/202 (0) ¹	0/506 (0) ¹	19/100 (19%) ^{4*}	-	-
Runderen	-	-	-	-	-	2/100 (2%) ^{5*}	-	-
Geiten	0/11 (0%) ¹	3/18 (16,7%) ¹	4/11 (36,4%) ¹	4/14 (28,6%) ¹	0/30 (0) ¹	-	-	-
Geiten	-	-	-	-	221/1.664 (13,3%) ⁴	2/8 (25%) ³	-	1/7 ³
Schapen	4/37 (10,8%) ¹	3/33 (9,1%) ¹	8/24 (33,3%) ¹	6/36 (16,7%) ¹	6/66 (9,1%) ¹	-	-	-
Schapen	-	-	-	-	-	3/3 (100%) ³	-	-
Honden	6/46 (13%) ²	3/76 (4%) ²	1/52 (2%) ²	11/71 (15%) ²	15/58 (26%) ²	11/84 (13,1%) ²	22/145 (15,2%) ²	26/168 (15,5%) ²
Honden	-	-	-	-	-	0/3 (0) ³	0/7 ³	0/11 ³
Katten	91/450 (18,2%) ⁴	0/23 (0%) ²	2/18 (11%) ²	2/24 (8%) ²	5/26 (19%) ²	2/32 (6,3%) ²	11/33 (33,3%) ²	7/43 (16,3%) ²
Katten	-	-	-	-	-	0/4 (0) ³	-	-
Vleesvarkens	-	-	7/780 (0,9%) ⁴	-	-	-	-	-
Ratten	-	-	-	2/53 ⁴	-	-	-	-

1 Gegevens GD, aantal geteste verworpen vruchten (mèt placenta 2008-2013, met en zonder placenta 2014) en het aantal uitslagen daarvan positief a.d.h.v. macroscopie en indien die afwijkt histologie

2 Gegevens VMDC, op basis van patiënten diagnostiek (IgM-serologie)

3 Gegevens WBVR, vanuit aangevraagde testen voor (export) diagnostiek (2015: LAT, vanaf 2016: ELISA)

4 Gegevens RIVM, op basis van steekproef-serologie

5 Gegevens RIVM/WBVR, op basis van muizenbioassay

* Het betreft dezelfde 100 runderen

tegenstelling tot schapenvlees, relatief weinig besmet, maar door de veelvuldige rauwe consumptie ervan (vooral filet américain), is het geschatte aandeel in humane infecties hoog.

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

detectie van cysten in het vlees zo slecht, dat serologie ook niet geschikt is voor het opsporen van positieve bedrijven.^{102,103,104}

Op dit moment wordt onderzocht of het mogelijk is de besmetting in varkens terug te dringen door positieve bedrijven op te sporen door middel van serologische testen in het slachthuis, gevolgd door een bedrijfsbezoek met plan van aanpak voor de positieve bedrijven. Ook wordt momenteel onderzocht of de procesmaatregelen gebruikt voor de bereiding van vleesproducten zoals filet américain leiden tot inactivatie van *T.gondii*.

Daarnaast heeft het RIVM verschillende interventie-maatregelen voor de preventie van toxoplasmose in Nederland doorgerekend in een maatschappelijke kosten-baten analyse.¹⁰⁵ Om met vaccinatie van katten effect te bereiken is een onrealistisch hoge vaccinatie-

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

Diersoort	Positief/getest								
	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017
Varken slachthuis ¹	0/ 12.186.453	0/ 14.016.937	0/ 14.520.834	0/ 14.689.622	0/ 13.827.352	0/ 14.638.062	0/ 15.044.253	0/ 14.903.515	0/ 15.241.457
Paarden/ pony's ¹	0/2.193	0/3.434	0/5.063	0/7.727	0/4.819	0/4.464	0/3.387	0/3.755	0/2.753
Wilde zwijnen									
Wild ¹	0/2.010	0/2.504	0/1.332	0/3.238	0/1.835	0/1.960	0/1.111	0/3.307	0/5.169
Wild ²	0/600	0/441	0/458	0/688	0/602	0/861	2/512	-	-
Knaagdieren (wild) ²	-	-	0/94 ¹	-	0/46	2/135	-	-	-
Wasbeer- honden ¹	-	-	-	-	-	1/7	-	-	0/14
Vossen ¹	0/22	1/94	0/260	-	0/37	-	-	-	-

¹ Digestie² Serologie

graad nodig. Het invriezen van risicovolle vleesproducten levert netto baten voor de samenleving, terwijl het verhogen van de biosecurity op varkensbedrijven weinig effectief blijkt.

2.21 Trichinellose

Trichinella komt wereldwijd voor in wilde en gedomesticeerde dieren, behalve in Australië. Er zijn meerdere soorten *Trichinella*, waarvan *T. spiralis* de voor de mens meest infectieuze is. Andere soorten, zoals *T. britovi* in Europa en West-Afrika, *T.8* in Zuid-Afrika, *T.9* in Japan, *T. nativa* (inclusief een apart genotype, *T.6*) in noordelijke koude gebieden, *T. nelsoni* in Afrika, *T. murelli* in Noord-Amerika en *T. patagoniensis* in Zuid-Amerika, komen voornamelijk in wilde dieren voor.^{106,107} Na opname van de larven door consumptie van besmet vlees komen de larven in de dunne darm vrij. Ze dringen de darmwand in en ontwikkelen zich daar tot volwassen mannetjes en vrouwtjes. Na bevruchting produceren de vrouwtjes levende larven. Deze larven gaan door de darmwand heen en kapselen zich in spiercellen in, waar ze jarenlang kunnen overleven en niet verder ontwikkelen. Pas als die gastheer wordt opgegeten door een vlees- of alleseter kan de ontwikkeling van *Trichinella* door gaan. Als de gastheer sterft, kunnen ze in het afstervende spierweefsel nog lange tijd in leven blijven. Uit onderzoek blijkt dat ze 1,5 tot 3 maanden kunnen overleven in dode dieren in gematigde gebieden¹⁰⁸, tot maanden of een jaar in koude gebieden¹⁰⁹. Langs deze weg kan *Trichinella* opgenomen en verspreid worden door aaseters zoals de

wasbeerhond, die ook in Nederland voor komt.¹¹⁰ Overigens zijn er ook soorten die geen kapsel vormen in de spieren (*T. pseudospiralis*, *T. papuae* en *T. zimbabwensis*). Deze soorten kunnen ook vogels (*T. pseudospiralis*) of koudbloedige dieren (*T. papuae* en *T. zimbabwensis*) infecteren.¹¹¹ Alleen *T. pseudospiralis* kent een wereldwijde verspreiding en is ook in Nederland aangetoond in een wild zwijn. Mensen kunnen geïnfecteerd raken met *Trichinella*-parasieten door het eten van rauw of onvoldoende verhit vlees (meestal varkensvlees, paardenvlees of vlees van wilde zwijnen). De verschijnselen zijn afhankelijk van de *Trichinella* soort, de hoeveelheid opgenomen larven en waar de larven zich bevinden (darm, rondtrekkend of in de spieren).¹¹² Trichinellose kan zeer heftig en lethaal verlopen.

2.21.1 *Trichinella* bij dieren

Consumptiedieren, die gevoelig zijn voor *Trichinella* spp., moeten volgens EU-wetgeving worden onderzocht door middel van de kunstmatige verteringsmethode digestie, (Tabel 2.21.1).¹¹³ Het risico is echter marginaal wanneer varkens binnen worden gehouden en daarom is in 2015 de EU-wetgeving dusdanig aangepast dat in principe slachtvarkens, die onder gecontroleerde condities gehouden (*controlled housing*) zijn niet meer getest hoeven te worden.¹¹³ In Nederland vindt controle van alle varkens, paarden en wilde zwijnen voor *Trichinella* nog wel steeds plaats tijdens de slachtfase en wordt gedaan door één (vleesvarken) tot vijf gram (paard en wild zwijn) spiervlees van een predilectieplaats van elk karkas te onderzoeken op het voorkomen van *Trichinella*. Hoewel het risico op een infectie bij varkens die onder *controlled indoor housing*

systemen worden gehouden dus minimaal is, bestaat er een risico voor buitengehouden varkens en wild, omdat *Trichinella* endemisch voorkomt in gevoelige wilde omnivore en carnivore dieren (wildcyclus). Het RIVM-Cib is referentielaboratorium voor voedsel- overdraagbare en zoönotische parasieten en borgt de kwaliteit op het routinematige onderzoek van *Trichinella* bij slachtdieren. In 2017 is geen *Trichinella* gevonden bij de routinematige karkascontrole. Het RIVM verricht onderzoek naar het voorkomen en de dynamiek van *Trichinella* bij wild en de transmissierisico's van de wildcyclus voor de veehouderij en de mens. In 2017 zijn 15.241.457 slachtvarkens, 2.753 slachtpaarden en 5.169 wilde zwijnen routinematig onderzocht op *Trichinella*. Geen van de dieren is positief bevonden. In wild werd *Trichinella* in het verleden laaggradig aangetroffen door gevoeliger te testen, meer vlees te testen of door serologie.

2.21.2 Trichinellose bij mensen

De diagnostiek van *Trichinella* berust vooral op serologie. De serologie wordt in Nederland alleen uitgevoerd door het RIVM in Bilthoven. De sera worden gescreend met een ELISA en bij een positief resultaat bevestigd door een immunoblot. Bij bijzondere resultaten wordt overlegd met het referentiecentrum in Rome (EU Reference Laboratory for Parasites, ISS, Dr. E. Pozio). Bij enkele patiënten werd in 2017 een laag positieve reactie gevonden in de ELISA, die echter niet bevestigd kon worden in de immunoblot. Deze reactie kan worden veroorzaakt door een infectie ver in het verleden of door een aspecifieke reactie. De conclusie is dat er in Nederland in 2017 geen trichinellose werd vastgesteld op basis van serologie.

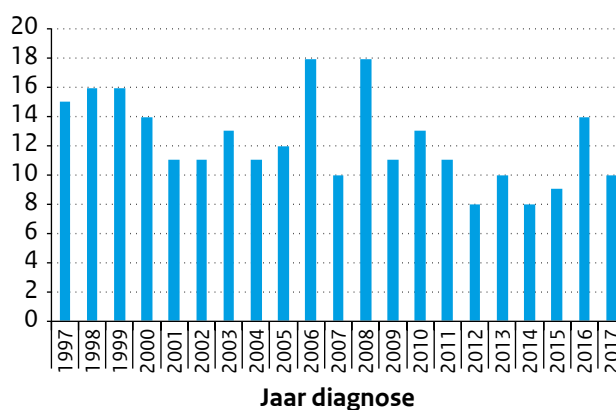
2.22 Tuberculose

In Nederland wordt tuberculose bij de mens in circa 97% van de gevallen veroorzaakt door *Mycobacterium tuberculosis*, in 1% van de gevallen door *M. africanum* (vergelijkbaar met *M. tuberculosis*) en in 1-1,5% door *M. bovis*. Van deze drie subspecies is alleen *M. bovis* een zoönotische verwekker. Andere zoönotische *Mycobacterium*-species die in uitzonderlijke gevallen tuberculose veroorzaken zijn bijvoorbeeld *M. caprae*, *M. microti*²⁴, en *M. pinnipedii*, maar deze spelen in Nederland bij mensen nauwelijks een rol.

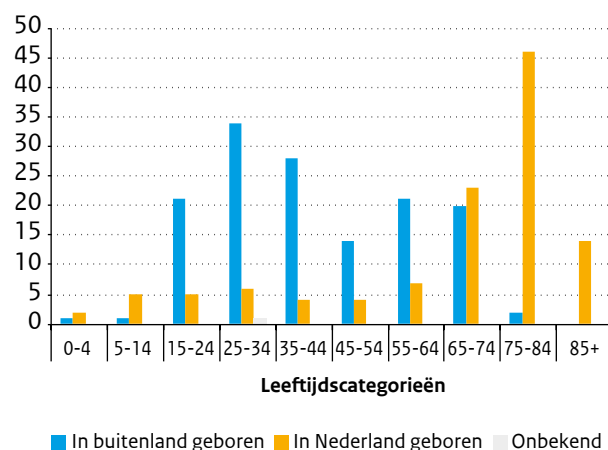
2.22.1 *Mycobacterium bovis*-infecties bij de mens

Verspreiding van *M. tuberculosis* is vooral via de lucht, terwijl overdracht van *M. bovis* naar de mens meestal via gecontamineerde, niet-gepasteuriseerde melk of rauwe kaas plaatsvindt (enterale route). Zelden worden mensen door dieren met *M. bovis* besmet via de lucht, bijvoorbeeld door aerosolvorming bij de slacht. Longtuberculose die door *M. bovis* veroorzaakt wordt komt bij de mens

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



Figuur 2.22.2 Leeftijdsverdeling *M. bovis* infecties van 1997-2017



dan ook veel minder vaak voor. Transmissie van dergelijke cases wordt vrijwel nooit waargenomen in de structurele DNA-fingerprintsurveillance. In 2017 zijn er 10 meldingen gedaan van tuberculose veroorzaakt door *M. bovis* en 2 meldingen waarbij die ziekte veroorzaakt werd door *M. microti*.²⁴ In de periode 1997-2017 zijn in totaal 259 meldingen gedaan van tuberculose veroorzaakt door *M. bovis*, gemiddeld 12 per jaar. Figuur 2.22.1 geeft een overzicht per jaar.

Van 259 patiënten waren er 116 (45%) geboren in Nederland en 142 (55%) in het buitenland. Van één patiënt was het land van herkomst niet bekend. De leeftijdsverdeling van patiënten met een door *M. bovis* veroorzaakte tuberculose verschilt sterk naar land van herkomst; 72% (83 van 116) van de in Nederland geboren patiënten was ouder dan 65 jaar, terwijl slechts 15% (22 van 142) van de in het buitenland geboren patiënten tot die leeftijdscategorie behoorde (Figuur 2.22.2).

2.22.2 *Mycobacterium bovis*-infecties bij dieren

De tuberculosebewaking bij landbouwhuisdieren in Nederland is vooral gebaseerd op de slachthuisbewaking (keuring na het slachten). Daarnaast vindt onderzoek door middel van tuberculinatie plaats bij export van dieren naar derde landen (landen buiten de EU), bij fokdieren voor kunstmatige inseminatie waardigheid op spermawinstations en bij klinische verdenkingen in met name dierentuinen. Na signalering van besmette bedrijven in het buitenland, vindt bij de dieren die zijn geïmporteerd in Nederland vanuit deze buitenlandse besmette bedrijven, tuberculinatie plaats. Deze dieren zijn geïmporteerd vóórdat het buitenlandse bedrijf van oorsprong als besmet werd aangemerkt. In 2017 zijn 11 klinisch verdachte runderen na positieve tuberculinatie-onderzoek door de NVWA overgenomen en ingestuurd naar WBVR voor bacteriologisch onderzoek. Ook zijn van 20 slachtrunderen na post mortem slachtkeuringsbevinding door de NVWA materiaal ingestuurd naar WBVR voor onderzoek. Bij geen van deze verdachte gevallen is *M. bovis* aangetoond met PCR en bacteriologisch onderzoek.

In het geval van aanvoer van levende kalveren volgt tracing en overname door de NVWA. In 2017 waren er geen verdachte levende kalveren aangevoerd. Er zijn 51 weefsel- en sputuminzendingen ontvangen vanuit dierentuinen (onder andere diverse primaten, olifanten, bongo antilope en ibis) voor onderzoek op de aanwezigheid van mycobacteriën. Alle individuen werden negatief bevonden voor wat betreft isolatie en/of PCR gebaseerde detectie van tuberculose complex bacteriën.

Ook zijn er 552 inzendingen ontvangen van dierentuinen voor serologische screening van dieren voor monitoring en/of export. Resultaten van de ELISA-testen gaven geen aanleiding tot nader onderzoek.

Er zijn zes inzendingen ontvangen voor serologisch onderzoek met de DPP-sneltest. De DPP-test is een test die alleen geschikt is voor het testen van olifanten. Resultaten van de DPP-testen gaven geen aanleiding tot nader onderzoek.

2.23 Tularemie

Tularemie (hazenpest) wordt veroorzaakt door een infectie met de bacterie *Francisella tularensis*. In Europa betreft het vrijwel alleen subspecies *holarctica*. Besmettingen kunnen voorkomen bij veel diersoorten, waaronder zoogdieren, vogels en invertebraten. Vooral haasachtigen en knaagdieren zijn gevoelig voor infecties en spelen een belangrijke rol bij humane besmettingen. Verschillende transmissieroutes van *F. tularensis* naar de mens zijn bekend: via steken door arthropoden (zoals teken, dazen, muggen), via een beschadigde huid bij

contact met besmette dieren, via ingestie door besmet (oppervlakte)water of voedsel, of door inhalatie van gecontamineerd stof of aerosolen. Voor zover bekend gaat de ziekte niet over van mens op mens. De infectieroute bepaalt mede hoe de ziekte zich uit. Bij besmettingen via huidlesies worden vaak ulcera en regionale lymfadenopathie gezien. Bij besmetting via inademing kan een longontsteking optreden. Orale besmetting kan resulteren in buikklachten/diarree en in orofaryngeale tularemie. Andere mogelijke verschijnselen zijn koorts, hoofdpijn, spierpijn en keelpijn. In Europa wordt tularemie vrijwel uitsluitend veroorzaakt door *F. tularensis* subspecies *holarctica*, waarvan op basis van fylogenetisch onderzoek een aantal basale clades kunnen worden onderscheiden, met een duidelijke geografische verspreiding. De belangrijkste clades zijn de zogenaamde B.6, die voornamelijk wordt gevonden in westelijke en centrale delen van Europa en clade B.12, die in centraal en Oost-Europa voorkomt. Beide types komen in Nederland voor.

2.23.1 Tularemie bij mensen

Na decennia van afwezigheid in Nederland wordt vanaf 2011 bij patiënten weer regelmatig tularemie vastgesteld. In de periode 2011-2016 betrof dit in totaal 15 gevallen van tularemie bij mensen. Dit is inclusief een patiënt uit Limburg met de eerste ziektedag in 2016, van wie de diagnostiek in april 2017 werd afgerond en die nog niet was gemeld in het overzicht van vorig jaar. Een andere patiënt met de eerste ziektedag eind 2016, van wie de laboratoriumdiagnose direct na de jaarwisseling werd gesteld, was al wel in het eerdere overzicht gemeld. Deze patiënt had rond kerst 2016 een haas gevild en zich tijdens het villen gesneden. Tularemie werd vermoed in verband met verschijnselen van koorts, een ulcus ter plaatse van de wond en een abcederende lymfeklier in de oksel. In serum, afgenomen op 2 januari, werd een titer tegen *F. tularensis* vastgesteld van ≥ 640 . Tevens werd *F. tularensis* subsp. *holarctica* geïsoleerd uit purulent ontstekingsvocht. Er was geen materiaal beschikbaar van de haas voor onderzoek op tularemie. In 2017 is daarnaast bij drie patiënten de diagnose tularemie gesteld, waarvan bij twee keer tularemie werd vastgesteld op basis van serologie (titers van 320 of hoger); in februari bij een persoon woonachtig in Gelderland en in november bij een persoon uit Leeuwarden. Bij de derde patiënt werd in december met behulp van PCR *F. tularensis* aangetoond in purulent materiaal. Bij deze persoon was een jaar eerder (oktober 2016) ook al tularemie vastgesteld. Mogelijk gaat het hier om een herinfectie. Verdere genotypering van het DNA uit klinisch materiaal uit 2016 en 2017 is lopende en kan hier mogelijk meer inzicht in geven. Alle humane gevallen uit 2017 betrof het B.6 genotype. De infecties komen verspreid over Nederland voor,

waarbij het tot nu toe steeds om individuele, op zichzelf staande gevallen gaat, met uitzondering van één casus uit 2014 waarbij twee patiënten werden besmet door het hanteren/villen van eenzelfde haas. Slechts bij een deel van alle Nederlandse gevallen kon de bron van besmetting met zekerheid worden achterhaald. Bij de vijf patiënten uit 2017 was in ieder geval in één geval sprake van contact met besmette hazen. Tularemie is sinds november 2016 een humane meldingsplichtige ziekte voor artsen en hoofden van laboratoria.

2.23.2 Tularemie bij dieren

In Nederland wordt ook met enige regelmaat tularemie bij hazen vastgesteld. Ook hierbij geldt dat de infectie

verspreid over vrijwel heel Nederland voorkomt. In 2017 werd tularemie vastgesteld in vier doodgevonden hazen, drie uit de provincie Utrecht en één uit Limburg. Dit betrof in alle gevallen het B.6 genotype.

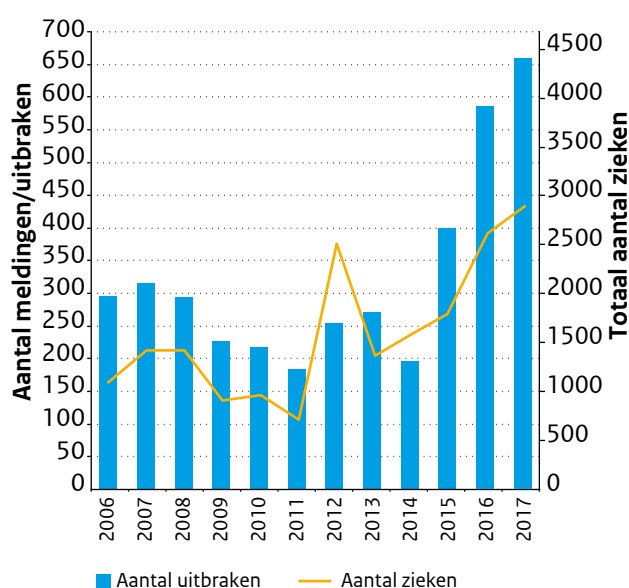
Tien muskusratten uit gebieden waar humane gevallen of positieve hazen waren en opportunistisch zijn onderzocht waren allen negatief.

2.24 Voedselgerelateerde uitbraken (clusters)

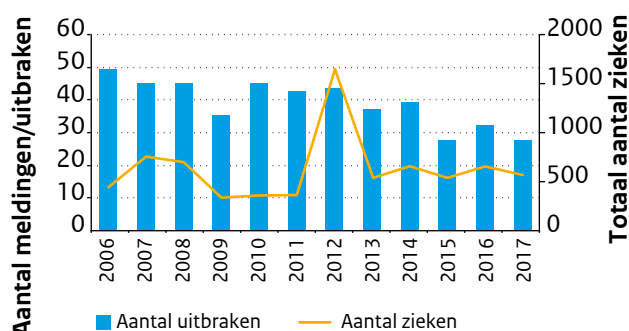
Het aantal geregistreerde voedselgerelateerde uitbraken in Nederland is gebaseerd op de meldingen die zijn geregistreerd door de NVWA en de wettelijke verplichte meldingen in Osiris van de behandelende artsen via de GGD'en bij het RIVM-Cib. Niet alle voedselinfecties en -vergiftigingen hebben een zoönotische oorsprong, maar frequent voorkomende veroorzakers van uitbraken, *Campylobacter* en *Salmonella*, hebben dit bijvoorbeeld wel. Deze pathogenen worden tevens in meer detail besproken in paragraaf 2.10 respectievelijk 2.18. Het aantal geregistreerde voedselgerelateerde uitbraken wordt jaarlijks gerapporteerd door het RIVM-Cib; onderstaande cijfers zijn uit dit rapport afkomstig.³³

Sinds 2015 worden alle meldingen van uitbraken (d.w.z. twee of meer zieken) bij de NVWA ingevoerd in Osiris, ongeacht of naar aanleiding van deze meldingen een inspectie en/of monsternamen heeft plaatsgevonden. Meldingen betreffende enkele ziektegevallen en anonieme meldingen, uitgezonderd meldingen van grote uitbraken, worden niet meer ingevoerd. Dit is anders dan voorgaande jaren waarbij de invoer beperkt was tot de niet-anonieme meldingen van zowel enkele ziektegevallen als uitbraken waarbij monsternamen plaatsgevonden heeft. De NVWA registreerde in 2017 659 meldingen van voedselgerelateerde uitbraken waarbij 2.903 mensen ziek werden (Figuur 2.24.1). Dit is, evenals 2016, een stijging in zowel aantal uitbraken als zieken.

Figuur 2.24.1 Aantal uitbraken en meldingen van voedsel- infecties en -vergiftigingen en het daarbij betrokken aantal zieken, zoals geregistreerd door de NVWA



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



In 2017 kwamen bij het RIVM-Cib 27 meldingen van voedselgerelateerde uitbraken binnen. Dit is lager dan de 32 meldingen in 2016 en 35 tot 49 meldingen per jaar in de periode 2004-2013, maar hoger dan de 28 en 27 meldingen in respectievelijk 2014 en 2015. In 2017 waren er 587 zieken bij deze meldingen betrokken (Figuur 2.24.2). Door beide instanties samen werden 665 voedselgerelateerde uitbraken met 2.941 ziektegevallen geregistreerd (Figuur 2.24.3), waarbij sommige uitbraken bij beide instanties zijn gemeld. Deze getallen zijn echter een onderschatting, omdat niet iedere zieke de NVWA informeert of naar de huisarts gaat, waarbij deze laatste in veel gevallen geen meldingsplicht heeft. De meerderheid van de uitbraken bestond uit twee tot en

met vier zieken (85%) gevolgd door vijf tot en met negen zieken (11%). De acht grootste geregistreerde uitbraken in 2017 varieerden van 45 tot en met 162 personen. In totaal werd bij 44 uitbraken (7%) melding gemaakt van een ziekteverwekker.

Bij 28 uitbraken (4%) werd een ziekteverwekker bij één of meer patiënten aangetroffen en bij 19 uitbraken (3%) werd een ziekteverwekker in voedsel- of omgevingsmonsters aangetoond. Norovirus veroorzaakte opnieuw de meeste uitbraken (n=18; elf maal aangetoond in omgevingsmonsters, eenmaal in oesters, drie maal in omgevingsmonsters en ontlasting, drie maal alleen in ontlasting) en meeste zieken (n=352). Het aantal norovirus uitbraken is daarmee hoger dan in 2015, maar met minder zieken (15 uitbraken met 469 zieken). In 2014 en 2016 werden 25 norovirus uitbraken gemeld, met respectievelijk 713 en 380 zieken. In 2015 en 2016 was het aantal *Salmonella*- en *Campylobacter*-uitbraken gelijk met elk negen uitbraken, waarbij *Salmonella* meer zieken veroorzaakte dan *Campylobacter*. In 2017 waren er beduidend meer meldingen van *Salmonella*-uitbraken (14 uitbraken met in totaal 89 zieken) dan *Campylobacter*-uitbraken (5 uitbraken met in totaal 12 zieken). In 2017 werd in ieder twee uitbraken in voedsel *Bacillus cereus* (restant gaar gehakt en restant couscous met kip en groenten) en histamine (tonijn) aangetroffen. De overige ziekteverwekkers werden elk in één uitbraak gedetecteerd: *Shigella flexneri* (ontlasting), hepatitis A-virus (bloed/ontlasting) en lintworm (ontlasting). De uitbraak veroorzaakt door *Shigella flexneri* was opvallend gezien het grote aantal zieken (162 zieken), deze kon herleid worden naar een eetgelegenheid binnen een studentenvereniging. Bij de hepatitis A-uitbraak leidde een patiënt-controle onderzoek naar frambozen die deel uitmaken van een gemengde diepvriesbessenproduct verkocht binnen een supermarktketen, dat vervolgens van de markt is gehaald.¹¹⁴ Microbiologisch onderzoek van de frambozen kon het sterke epidemiologische bewijs helaas niet bevestigen.

De mediane gerapporteerde ziekteduur was het langst voor shigellose met zeventien dagen (1 uitbraak), gevolgd door campylobacteriose met elf dagen (range 7-14 dagen, 2 uitbraken), salmonellose met acht dagen (2-28 dagen, 7 uitbraken) en norovirus met twee dagen (1-3 dagen, 5 uitbraken). Binnen de drie uitbraken waarvan wel een ziekteduur geregistreerd was maar geen ziekteverwekker gevonden was, waren de patiënten mediaan een dag ziek (1-2 dagen).

2.25 Geraadpleegde literatuur

1. Website Centraal Bureau voor de Statistiek. <http://statline.cbs.nl/StatWeb/publication>
2. Feiten en cijfers van de gezelschapsdierensector 2015, Faculteit Diergeneeskunde (Universiteit Utrecht) en HAS Den Bosch
3. Staat van Zoönosen 2011, RIVM-rapport http://www.rivm.nl/Onderwerpen/Z/Ziek_door_dier/Staat_van_zo_nosen
4. Schiphol statistieken <http://www.schiphol.nl/SchipholGroup1/Onderneming/Statistieken/FeitenEnCijfers.htm>
5. Vademecum Zoönosen RIVM, NVWA. 2014 https://onehealth.nl/documenten-oJuli_2018
6. Gezondheidswet <http://wetten.overheid.nl/BWBR0002202/2018-08-01>
7. OIE World Animal Health Information System (WAHIS+) Interface: http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Wahidhome/Home/indexcontent/newlang/en. Juni 2018
8. <http://www.cdc.gov anthrax/history/index.html>
9. Regeling preventie, bestrijding en monitoring van besmettelijke dierziekten en zoönosen en TSE's <http://wetten.overheid.nl/BWBR0018397/2016-04-01#Hoofdstuk3>
10. High pathogenicity avian influenza. Iowa State University / OIE factsheet <http://tinyurl.com/3zuesew>
11. Maassen, C.B.M., et al. (2012) Infectierisico's van de veehouderij voor omwonenden, RIVM-rapport. http://www.rivm.nl/Onderwerpen/V/Veehouderij_en_gezondheid/Onderzoek_veehouderij_en_gezondheid_omwonenden_VGO
12. Maassen, C.B.M., et al (2016) Veehouderij en gezondheid omwonenden, RIVM-rapport. http://www.who.int/influenza/human_animal_interface/Influenza_Summary_IRA_HA_interface_25_01_2018_FINAL.pdf?ua=1
13. http://www.fao.org/ag/againfo/programmes/en/empres/H7N9/wave_6/Situation_update_2018_01_24.html
14. Kang M., et al (2017) Epidemiology of human infections with highly pathogenic avian influenza A(H7N9) virus in Guangdong, 2016 to 2017. Euro Surveill. 22(27):pii=30568
15. http://www.fao.org/ag/againfo/programmes/en/empres/H7N9/wave_6/Situation_update_2018_01_24.html
16. LCI-richtlijn Influenza van dierlijke oorsprong <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/influenza-van-dierlijke-oorsprong>
17. <https://lci.rivm.nl/draaiboeken/aviaire-influenza>
18. <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/botulisme>

20. de Boer, et al (2009) Uitbraak van voedselgerelateerd botulisme op een minicruise. Surveillance and outbreak reports. Ned Tijdschr Geneeskd. 153(16):760-4.
21. Swaan C.M., et al (2010) Cluster of botulism among Dutch tourists in Turkey, June 2008. Eurosurveillance 15(14), pii: 19532.
22. Hintaran, et al (2017) Botulisme bij een Poolse arbeider in Zeist. Tijdschrift voor Infectieziekten 84-87.
23. <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/brucellose>
24. Staat van Zoönose 2016 http://www.rivm.nl/Onderwerpen/Z/Ziek_door_dier/Staat_van_zo_nosen
25. van Dijk M., et al (2018) *Brucella suis* infection in dog fed raw meat, the Netherlands. Emerg Infect Dis. 24(6): 1127-29
26. LCI richtlijnen <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/creutzfeldt-jakob-ziekte-van>
27. Greener, M. (2015) vCJD: 30 years later. Progr Neurol Psych 19(3), 28-30.
28. NCJDRSU. (2018) Variant CJD cases worldwide. <http://www.cjd.ed.ac.uk/sites/default/files/worldfigs.pdf>. Maart 2018
29. NCJDRSU. (2018). Creutzfeldt-Jakob disease in the UK (by calendar year). http://www.cjd.ed.ac.uk/sites/default/files/figs_2.pdf. Mei 2018
30. <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/campylobacter-infecties>
31. Bouwknegt M., et al (2014) Potential association between the recent increase in campylobacteriosis incidence in the Netherlands and proton-pump inhibitor use – an ecological study. Euro Surveill 18(2014)
32. Friesema I.H.M., et al (2012) Poultry culling and campylobacteriosis reduction among humans, The Netherlands. Em. Inf. Dis. 18(3):466-468.
33. Friesema I.H.M., et al (2018) Registratie voedselgerelateerde uitbraken in Nederland, 2017. RIVM Rapport 2018-0088
34. Mangen M.J., et al. (2017) Disease burden of food-related pathogens in the Netherlands, 2017. RIVM letter report 2018-0037. https://www.rivm.nl/en/Documents_and_publications/Common_and_Present/Newsmessages/2018/Disease_burden_and_cost_of_illness_of_food_related_pathogens_in_the_Netherlands/Download/Disease_burden_of_food_related_pathogens_in_the_Netherlands_2017
35. Doorduyn Y, et al (2010) Risk factors for indigenous *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* infections in The Netherlands: a case-control study. Epidemiol Infect 138: 1391-1404.
36. Price L.B., et al. (2007) Neurologic symptoms and neuropathologic antibodies in poultry workers exposed to *Campylobacter jejuni*. J Occup Environ Med 2007 49:748-755.
37. Cawthraw S.A., et al. (2000) Antibodies, directed towards *Campylobacter jejuni* antigens, in sera from poultry abattoir workers. Clin Exp Immunol 122:55-60.
38. Heryford A.G., et al. (2004) Outbreak of occupational campylobacteriosis associated with a pheasant farm. J Agric Saf Health 10:127-132.
39. Mughini Gras L., et al (2012) Risk factors for campylobacteriosis of chicken, ruminants, and environmental origin: A combined case-control and source attribution analysis. PLoS ONE 7(8) e42599
40. Mughini-Gras L., et al (2016) Quantifying potential sources of surface water contamination by *Campylobacter jejuni* and *C. coli*. Water Research.
41. Swart A.N., et al. (2013) Microbiological criteria as a decision tool for controlling *Campylobacter* in the broiler meat chain. RIVM briefrapport 30331008/2013
42. <http://www.nepluvi.nl/page/244/eindrapportage-campylobacter-2017-2013-2e-1e-convenant.html>
43. Monitoringsrapportage *Campylobacter* Convenant, NEPLUVI <http://www.nepluvi.nl/page/244/eindrapportage-campylobacter-2016-2013-2e-1e-convenant.html>
44. Verordening (EU) 2017/1495 http://eur-lex.europa.eu/legal-content/EN/TXT/?uri=uriserv:OJ.L_.2017.218.01.0001.01.ENG&toc=OJ:L:2017:218:FULL
45. Veldman KT, Wit B, Pelt van W, Heederik DJJ, Mevius DJ (Eds.) (2018) MARAN-2018 (i.c.m. NETHMAP-2018). <https://www.wur.nl/nl/Onderzoek-Resultaten/Onderzoeksinstituten/Biovetinary-Research/Publicaties/MARAN-rapporten-antibioticaresistentie.htm>
46. LCI-richtlijn Echinokokkose <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/echinokokkose>
47. Stijnis C., et al. (2013) First case of *Echinococcus vogeli* infection imported to the Netherlands Eur. Surveill 18: 20448
48. Staat van Zoönosen 2015 http://www.rivm.nl/Onderwerpen/Z/Ziek_door_dier/Staat_van_zo_nosen
49. Spierenburg, M. et al. (2017) Risico op herintroductie van *Echinococcus granulosus* in Nederland door import van runderen en honden uit endemische gebieden. Tijdschrift voor Diergeneeskunde 142 (7): 30-35.
50. van der Giessen J.W., et al. (1999) Detection of *Echinococcus multilocularis* in foxes in the Netherlands. Vet Parasitol 82: 49-57
51. Maas M., et al. (2014) Significant increase of *Echinococcus multilocularis* prevalence in foxes, but no increased predicted risk for humans. Vet Parasitol. 206(3-4):167-72
52. Maas, M., et al. (2016) First findings of *Trichinella spiralis* and DNA of *Echinococcus multilocularis* in wild raccoon dogs in the Netherlands. Int J Par: Parasites and Wildlife 5.3: 277-279.

53. Vossenlintwormonderzoek in Groningen en Drenthe 2016-2017 https://www.rivm.nl/Documenten_en_publicaties/Algemeen_Actueel/Nieuwsberichten/2017/Onderzoek_naar_vossenlintworm_in_Groningen_en_Drenthe
54. Pijnacker R., et al (2016) Marked increase in leptospirosis infections in humans and dogs in the Netherlands, 2014. *Euro Surveill* 21(17)
55. <https://www.gddiergezondheid.nl/diergezondheid/dierziekten/listeriose-kleine-herkauwers>
56. Lci richtlijnen listeriose <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/listeriose>
57. Verordening (EU) nr. 2073/2005 <http://eur-lex.europa.eu/legal-content/NL/TXT/?uri=celex:32005R2073>
58. Maes P. et al (2018) Taxonomy of the family Arenaviridae and the order Bunyavirales: update 2018 *Archives of Virology*
59. Verner-Carlsson J., et al (2015). First evidence of Seoul hantavirus in the wild rat population in the Netherlands. *Infection ecology & epidemiology* 5, 27215.
60. Reusken, C. (2010). Towards a monitoring and surveillance system for rodent-borne diseases in the Netherlands. RIVM briefrapport 145/10 LZ0/CR.
61. LCI-richtlijnen hantavirusinfectie <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/hantavirusinfectie>
62. Heijne M., et al. (2017) One health-samenwerking in de aanpak van psittacose, *Ned. Tijdschrift Med. Microbiol* 25(2)
63. Sachse K., et al. (2015) Emendation of the family Chlamydiaceae: proposal of a single genus, *Chlamydia*, to include all currently recognized species. *Syst Appl Microbiol*. 38(2):99-103. doi: 10.1016/j.syapm.2014.12.004.
64. LCI-richtlijnen psittacose <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/psittacose>
65. van der Hoek W., et al. (2014) Omvang van het psittacose-probleem bij de mens: het belang van betrouwbare diagnostiek, *Infectieziekten Bulletin* https://www.wur.nl/upload_mm/2/6/5/e48160f9-edbb-4a60-9558-b60ba1fc7ac1_Omvangpsittacoseprobleembijdeemenschetbelangvanbetrouwbaardiagnostiek.pdf
66. Heddema E.R., et al. (2015) Typing of *Chlamydia psittaci* to monitor epidemiology of psittacosis and aid disease control in the Netherlands, 2008 to 2013. *Euro Surveill*. 5;20(5):21026.
67. http://www.rivm.nl/Documenten_en_publicaties/Algemeen_Actueel/Nieuwsberichten/2012/Chlamydia_abortus_verwaarloosbaar_risico_voor_volksgezondheid
68. Ramakers B.P., et al. (2017) Zoonotic *Chlamydia caviae* presenting as community-acquired pneumonia. *N Engl J Med*. 7;377(10):992-994. doi: 10.1056/NEJMc1702983.
69. Wheelhouse, N. and Longbottom, D. (2012) Endemic and Emerging Chlamydial Infections of Animals and Their Zoonotic Implications. *Transboundary and Emerging Diseases*, 59: 283-291.
70. Tan M., Bavoil P (editors) *Intracellular Pathogens I: Chlamydiales* (book) DOI: 10.1128/9781555817329
71. De Puyseleir K. et al (2014) Evaluation of the presence and zoonotic transmission of *Chlamydia suis* in a pig slaughterhouse, *BMC Infectious Diseases* 14:560
72. WHO website, rabiës factsheet: <http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs099/en/>
73. RIVM folder 'Rabiës (Hondsdoelheid) bij vleermuizen in Nederland - Wat moet ik weten?': https://www.rivm.nl/Onderwerpen/R/Rabies/Informatiemateriaal/85053_008096_Vleermuis_rabies_TG2.pdf
74. OIE, Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals 2017: <http://www.oie.int/en/standard-setting/terrestrial-manual/access-online/>
75. LCI-richtlijn Rabiës <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/rabies>
76. www.vleermuis.net
77. Scientific Opinion on monitoring and assessment of the public health risk of "Salmonella Typhimurium-like" strains, EFSA Panel on Biological Hazards (BIOHAZ) <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2010.1826>
78. LCI richtlijn salmonellose <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/salmonellose>
79. ECDC *Salmonella* gegevens <http://ecdc.europa.eu/en/data-tools/atlas/Pages/atlas.aspx>.
80. Pelt van W., et al (2017) Trends in *Salmonella* in Nederland in 2016. Bij de mens, landbouwhuisdieren en in voedsel. *Infectieziekten Bulletin* 7(28): 220-227.
81. Friesema I., et al (2012) Large outbreak of *Salmonella* Thompson related to smoked salmon in the Netherlands, August to December 2012. *Euro Surveill* 10/2014; 19(39).
82. Pijnacker R., et al (2017) Bronopsporing bij een langdurige internationale uitbraak van *Salmonella* Enteritidis. *Infectieziekten Bulletin* 28(6): 181-187
83. Brandwagt D., et al (2018) Outbreak of *Salmonella* Bovismorbificans associated with the consumption of uncooked ham products, the Netherlands, 2016 to 2017. *Euro Surveill*. 23(1):pii=17-00335. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.1.17-00335>
84. Gossner C.M., et al. (2015) Event-based surveillance of food- and waterborne diseases in Europe: 'urgent inquiries' (outbreak alerts) during 2008 to 2013 *Eurosurveillance* 2015; 20(25).
85. Definities van deze producten zijn bij wet vastgelegd in Verordening (EU) nr. 853/2004. http://eur-lex.europa.eu/legal-content/NL/TXT/?uri=uriserv:OJL_2005.338.01.0027.01.NLD

86. Mughini-Gras L., et al (2014) Risk factors for human salmonellosis originating from pigs, cattle, broiler chickens and egg laying hens: a combined case-control and source attribution analysis. PLoS ONE 9(2):e87933.
87. Mughini-Gras L., et al (2014) Tracing the source of human salmonellosis: A multi-model comparison of phenotyping and genotyping methods. Infection, Genetics and Evolution 28:251-260.
88. Mughini-Gras L., et al (2016) Increase in reptile-associated human salmonellosis and shift toward adulthood in the age groups at risk, the Netherlands, 1985 to 2014. Euro Surveill 1985 to 2014.
89. Veldman K., et al (2016) Location of colistin resistance gene mcr-1 in Enterobacteriaceae from livestock and meat. J Antimicrob Chemother 71(8):2340-2342
90. Liakopoulos A., et al (2016) Extended-Spectrum Cephalosporin-Resistant *Salmonella enterica* serovar Heidelberg Strains, the Netherlands. Em Inf Dis 22(7):1257-1261.
91. LCI richtlijn STEC <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/shigatoxineproducerende-ecoli-stec-infectie>
92. Friesema I.H.M., et al. (2017) Surveillance van shigatoxine-producerende *Escherichia coli* (STEC) in Nederland, 2016. Infectieziekten Bulletin (7)
93. Mughini-Gras L., et al (2018) 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 65: e8-e22.
94. Torgerson, et al. (2014) The global burden of foodborne parasitic diseases: an update. Trends in Parasitology 30(1): 20-26
95. Bouwknecht M., et al. (2015) De ziektelast van voedsel gerelateerde infecties in Nederland, 2009-2012. Infectieziekten Bulletin 26: 10-13
96. Dubey, J. P. (2006) Comparative infectivity of oocysts and bradyzoites of *Toxoplasma gondii* for intermediate (mice) and definitive (cats) hosts. Vet Par 140(1-2): 69-75.
97. Opsteegh, M., et al (2012) Seroprevalence and risk factors for *Toxoplasma gondii* infection in domestic cats in The Netherlands. Prev Vet Med 104(3-4): 317-326.
98. Kortbeek L.M., et al. (2009) Congenital toxoplasmosis and DALYs in the Netherlands. Mem Inst Oswaldo Cruz 104:370-373
99. Haagsma, J. A., et al (2015) Assessing disability weights based on the responses of 30,660 people from four European countries. Popul Health Metr 13(1): 10.
100. van den Brom, R., et al (2012) Abortion in small ruminants in the Netherlands between 2006 and 2011. Tijdschr Diergeneesk 137(7): 450-457.
101. Opsteegh M., et al. (2011) A quantitative microbial risk assessment for meatborne *Toxoplasma gondii* infection in the Netherlands. Int J Food Microbiol 150: 103-114
102. Opsteegh M., et al. (2016). Experimental studies of *Toxoplasma gondii* in the main livestock species (GP/EFSA/BIOHAZ/2013/01) Final report. EFSA supporting Publication 13 (2): EN-995
103. Opsteegh, M., et al (2016) Relationship between seroprevalence in the main livestock species and presence of *Toxoplasma gondii* in meat (GP/EFSA/BIOHAZ/2013/01) An extensive literature review. Final report. EFSA Supporting Publications 13(2): 996E-n/a.
104. Opsteegh, M., et al (2016) Experimental studies on *Toxoplasma gondii* in the main livestock species (GP/EFSA/BIOHAZ/2013/01) Final report. EFSA Supporting Publications 13(2): 995E-n/a.
105. Suijkerbuijk, A. W. M., et al (2018) The design of a Social Cost-Benefit Analysis of preventive interventions for toxoplasmosis: An example of the One Health approach. Zoonoses Public Health 65(1): 185-194.
106. Pozio, E., World distribution of *Trichinella* spp. infections in animals and humans. Vet Par, 2007. 149(1-2): p. 3-21.
107. Krivokapich, S.J., et al. (2012) *Trichinella patagoniensis* n. sp. (Nematoda), a new encapsulated species infecting carnivorous mammals in South America. Int J Par 42(10): p. 903-10.
108. Jovic, S., et al. (2001) Infectivity of *Trichinella spiralis* larvae in pork buried in the ground. Par 8(2 Suppl): p. S213-5.
109. Lacour S.A., et al. (2013) Freeze-tolerance of *Trichinella* muscle larvae in experimentally infected wild boars. Vet Par 194(2-4): p. 175-8.
110. Maas M., et al. (2016) First findings of *Trichinella spiralis* and DNA of *Echinococcus multilocularis* in wild raccoon dogs in the Netherlands. Int J Par Parasites Wildl 5(3): p. 277-279.
111. Pozio E. (2005) The broad spectrum of *Trichinella* hosts: from cold- to warm-blooded animals. Vet Par 132(1-2): p. 3-11.
112. LCI richtlijnen trichinellose <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/trichinellose>
113. Verordening (EU) 2015/1375 <http://eur-lex.europa.eu/legal-content/EN/TXT/?uri=CELEX%3A2015R1375>
114. Mollers M., et al (2018) Successful use of advertisement pictures to assist recall in a food-borne Hepatitis A outbreak in The Netherlands, 2017. Food Environ Virol

3

Uitgelicht

3.1 Ziekteverwekkers bij wasbeer en wasbeerhond in Nederland

De wasbeerhond (*Nyctereutes procyonoides*) behoort tot de familie van hondachtigen (Canidae) en heeft zijn natuurlijke verspreidingsgebied in het verre oosten van Azië. De wasbeer (*Procyon lotor*) is lid van de familie van kleine beren (Procyonidae) en heeft zijn natuurlijke verspreidingsgebied in Noord- en Midden-Amerika. Beide soorten zijn in de 20^e eeuw in de voormalige Sovjet-Unie respectievelijk Duitsland uitgezet als jachtdier, waarna ze zich hebben verspreid over Europa. De wasbeerhond en de wasbeer worden in Nederland steeds vaker waargenomen. Tot voor kort betroffen deze waarnemingen waarschijnlijk vooral ontsnapte/ losgelaten huisdieren, maar de laatste jaren lijkt het steeds aannemelijker dat het wilde dieren betreft die vanuit Duitsland (beide soorten) en België (wasbeer) ons land binnenkomen. Van beide soorten is inmiddels ook reproductie in het wild vastgesteld.^{1,2,3} De verwachting is dat ze uiteindelijk in grote delen van Nederland zullen voorkomen.^{4,5}

Zoönosen die bij de wasbeerhond kunnen voorkomen zijn *Trichinella spiralis*, *Echinococcus multilocularis* en *Francisella tularensis*.⁶ Bij wasberen kan de wasberenspoelworm *Baylisascaris procyonis* voorkomen. In verschillende Europese landen waar wasbeerhonden en wasberen al langer voorkomen, waaronder buurland

Duitsland, zijn deze zoönosen aangetoond, soms zelfs met hoge besmettingsgraden.^{7,8,9,10} Daarnaast kunnen zowel wasbeerhonden als wasberen ook nog andere ziekteverwekkers bij zich dragen waar mensen en/of dieren ziek van kunnen worden.⁶

In samenwerking met DWHC en Bureau Mulder-natuurlijk, heeft het RIVM twee studies uitgevoerd. Bij het eerste onderzoek (2013-2014) werden wasbeerhonden getest op *E. multilocularis* en *Trichinella* en bij het tweede onderzoek (2016-2017) werd ook gezocht naar tularemie bij wasbeerhonden en *B. procyonis* bij wasberen. In totaal zijn 21 wasbeerhonden onderzocht. Er waren 17 verkeersslachtoffers, 3 waren gedood door afschot en 1 wasbeerhond had een onbekende doodsoorzaak. Elf dieren waren mannelijk, elf dieren waren adult en van één dier kon door het ontbreken van de kop geen goede leeftijdsschatting worden gemaakt, omdat dit op basis van het gebit gebeurt. Allemaal hadden ze een goede lichamelijke conditie. Het merendeel van de dieren was afkomstig uit Noordoost-Nederland, en een paar uit Flevoland en Utrecht (Figuur 3.1).

Daarnaast zijn vijf wasberen onderzocht. Dit waren allemaal verkeersslachtoffers en ze waren in goede lichamelijke conditie. Vier exemplaren waren mannelijk, en van één was het geslacht onbekend. Drie wasberen waren afkomstig uit de provincie Limburg, één uit Noord-Brabant en één uit Gelderland (Figuur 3.1).

Figuur 3.1. Overzicht van de vindlocaties van de wasbeerhonden en wasberen, inclusief de twee wasberen die bij het DWHC zijn onderzocht. Positieve dieren zijn aangegeven met een kleur (rood: *Baylisascaris procyonis*, geel: *Echinococcus multilocularis*, blauw: *Trichinella spiralis*).



Bij één wasbeerhond is *E. multilocularis* gevonden en bij één *Trichinella spiralis*.¹¹ Er zijn geen wasbeerhonden met *F. tularensis* gevonden. Bij één wasbeer is *B. procyonis* aangetoond. Daarnaast heeft het DWHC bij twee wasberen, die eind 2014 dood werden gevonden in de omgeving van Doetinchem, *B. procyonis* aangetoond.

Het vaststellen van deze zoönosen bij deze invasieve soorten heeft verschillende consequenties voor het volksgezondheidsrisico. Jonge wasbeerhonden kunnen grote afstanden afleggen in korte tijd en zich in een verscheidenheid aan habitats handhaven.^{3,12} Daarom is het aannemelijk dat *E. multilocularis* zich door de vestiging van de wasbeerhond verder en sneller zou kunnen verspreiden. Omdat ook door de wasbeerhond (naast de al aanwezige vos) eieren van *E. multilocularis* zullen worden uitgescheiden, zal de besmetting van de omgeving toenemen. Het risico op besmetting van de mens door direct contact met wasbeerhonden is vooral aanwezig voor specifieke risicogroepen zoals jagers of natuurbeheerders.

Met de komst van de wasbeerhond is een diersoort in ons land gekomen, die zowel reservoir voor *Trichinella spiralis* als *T. britovi* kan zijn. Indien de populatie wasbeerhonden toeneemt, zal de verspreiding van *Trichinella* in de wildcyclus kunnen toenemen en is er een groter risico voor overdracht naar de varkenshouderij, zeker als het buiten houden van varkens gaat toenemen. In Duitsland is een dergelijk effect ook gezien: men vermoedt dat in de regio Mecklenburg-Vorpommern de stijging van de prevalentie van *Trichinella* spp. onder wilde zwijnen sinds 2005 toegeschreven kan worden aan de enorme groei die de populatie wasbeerhonden daar gelijktijdig heeft doorgemaakt.¹³

In tegenstelling tot *E. multilocularis* en *Trichinella* spp., is de wasberenspoelworm een nieuwe zoönose voor Nederland. In bijvoorbeeld de Verenigde Staten en in Duitsland zijn grote delen van de wasberenpopulatie hiermee besmet. Het aantal patiënten dat wordt gevonden, is gelukkig echter beperkt- tot nu toe zijn in totaal 25 patiënten beschreven.¹⁴

Ter voorkoming van besmetting met één van deze ziekteverwekkers moet contact met de kadavers en uitwerpselen van deze dieren worden vermeden. Indien dat toch plaatsvindt, moeten wegwerphandschoenen gebruikt worden bij contact en moeten daarna handen goed worden gewassen.

De huidige populaties van de wasbeerhond en wasbeer zijn klein en beperkt tot enkele regio's, waardoor het risico op humane besmettingen ook nog beperkt is. Als de aantallen en verspreiding toenemen, is de verwachting dat ook de infectiedruk toe zal nemen.

De spoelworm *B. procyonis* komt voor bij wasberen. Bij besmette wasberen worden spoelwormeieren via de ontlasting uitgescheiden in de omgeving, waar zij lange tijd kunnen overleven. Wanneer mensen deze eieren binnenkrijgen, ontwikkelen zich larven die zich door het lichaam kunnen verplaatsen naar onder andere de hersenen en dan neurologische klachten kunnen veroorzaken.

3.2 Q-koorts bij een gezin zonder eenduidige bron van infectie

In de zomer van 2017 meldde de GGD Hollands Midden een familiecluster van Q-koorts in de regio. Drie gezinsleden hadden hun eerste ziekte-dagen respectievelijk half juli (hevig hoofdpijn), half augustus (pneumonie) en eind september (pneumonie). De diagnose Q-koorts voor de beide personen met pneumonie is gesteld op basis van het aantonen van DNA van de Q-koorts-bacterie door middel van PCR in

sputum respectievelijk bloed. Serologisch onderzoek bevestigde de diagnose voor de beide patiënten met pneumonie. Voor de persoon met hevige hoofdpijn is naar aanleiding van de positieve PCR van de twee gezinsleden met pneumonie alsnog serologische diagnostiek ingezet. De uitslag gaf een verhoging van IgM en IgG antilichamen te zien wat kan passen bij een acute infectie. Van de in totaal vijf gezinsleden waren er drie met bevestigde Q-koorts. Allen wonen of werken in een woning waarbij op het terrein rondom de woning honden, paarden en zwurfkatten aanwezig zijn en hooi aangekocht wordt van een bedrijf in de omgeving. In de directe omgeving zijn schapen- en geitenhouderijen.

Uit moleculaire typering bleek dat 2 gezinsleden besmet waren met verschillende *Coxiella burnetii* stammen, wat duidt op een verschillende bron van infectie. Van het 3^e gezinslid was geen materiaal voor typering beschikbaar. Er geldt een vaccinatieplicht tegen Q-koorts voor geiten/schapenhouderijen met een publieksfunctie (bijvoorbeeld kinderboerderijen, zorgboerderijen en boeren-campings), professionele melkschapen- en melkgeiten-bedrijven (bedrijven met meer dan 50 dieren) en opfokbedrijven met meer dan 50 dieren die bestemd zijn voor de melkproductie. Ook dieren, ouder dan drie maanden, die aangevoerd worden op keuring of tentoonstelling dienen uiterlijk drie weken voor het evenement gevaccineerd te zijn. Er geldt geen vaccinatieplicht voor vleesschapen, omdat vleesschapen zelden de bron van besmettingen van Q-koorts bij mensen zijn. De vaccinatie dient elk jaar vóór 1 augustus te zijn toegediend en geregistreerd. Alle overige geiten- en schapenhouders kunnen hun dieren vrijwillig laten vaccineren.

Alle bedrijven met melkgeiten of melkschapen die onder de vaccinatieplicht vallen in de buurt van de woning van de patiënten hadden hun dieren gevaccineerd tegen Q-koorts. In de buurt van de woning van het gezin ligt een bedrijf met schapen dat een publieksfunctie heeft. De dieren op dit bedrijf waren nog niet gevaccineerd tegen Q-koorts. De NVWA heeft maatregelen opgelegd en de schapen zijn alsnog gevaccineerd. Dit bedrijf is bemonsterd, waarbij geen aanwijzingen zijn gevonden dat de schapen van dit bedrijf de bron van de besmettingen bij de mensen zijn.

In de omgeving van het gezin worden ook vleesschapen gehouden. Bij een bedrijf waar recent schapen hebben gelammerd, is onderzoek gedaan. Daar is bij de onderzochte schapen de *C. burnetii* bacterie aangetoond. De stammen van sommige van deze schapen en één van de patiënten leken op elkaar, maar kwamen niet precies overeen. Ook andere, minder waarschijnlijke, bronnen zijn meegenomen in de analyse, zoals paarden, honden en katten in de directe omgeving. Omdat er bij deze dieren geen sprake was van recente dracht was er geen

indicatie voor verder laboratoriumonderzoek. Ondanks uitgebreid onderzoek konden er geen bronnen van besmetting worden vastgesteld.

3.3 Zes patiënten met een *Chlamydia caviae*-infectie sinds 2013

Sinds 2013 is *Chlamydia caviae* in Nederland bij zes humane patiënten met longontsteking aangetoond (t/m juni 2018).^{15,16} Bij vijf van de zes patiënten werd in de anamnese contact met zieke cavia's vermeld. In drie gevallen werd gemeld dat er – vóór het ziek worden van de patiënten – recentelijk cavia's waren aangekocht die verschijnselen van conjunctivitis en rhinitis hadden vertoond. In één geval fokte de patiënte met cavia's, die respiratoire verschijnselen hadden gehad. Een andere patiënte werkte in een dierenartspraktijk. Bij één patiënt werd geen diercontact gemeld.

C. caviae is bij cavia's bekend als veroorzaker van een zelflimiterende conjunctivitis, die drie tot vier weken duurt. Daarnaast zijn verschijnselen beschreven zoals luchtweginfecties en abortus, maar het verloop kan ook asymptomatisch zijn. Van oudsher is bekend dat *C. caviae* zich vooral presenteert in jonge dieren. Naast het voorkomen in cavia's is *C. caviae* met PCR gedetecteerd bij paarden, konijnen, een kat en een hond.^{17,18,19} Bij de paarden werden verschijnselen van conjunctivitis en rhinitis gemeld en betrof het een co-infectie met *Streptococcus equi* subsp. *zooepidemicus*. De kat en de konijnen werden samen met cavia's gehouden; over de hond is verder niets bekend. *C. caviae* is waarschijnlijk endemisch in cavia's, maar er zijn zowel nationaal als internationaal geen prevalentie-data beschikbaar. Cavia's lijken de belangrijkste gastheer, maar voorkomen bij en overdracht naar andere diersoorten kan niet worden uitgesloten.

Tot voor kort werd verondersteld dat *C. caviae* bij mensen mogelijk conjunctivitis kon veroorzaken. Bij de zes humane patiënten die tot nu toe in Nederland zijn gedetecteerd werd een ernstige longontsteking vastgesteld, waarbij opname in het ziekenhuis nodig was. Vijf van de zes patiënten waren relatief jong (leeftijdscategorie 30-45 jaar) en hadden geen uitgebreide medische historie. Eén patiënt was in de zeventig en had onderliggend lijden. Alle patiënten herstelden na behandeling met doxycycline en/of fluorquinolonen.

De humane casussen onderschrijven de waarde van de nationale psittacose-surveillance en daaropvolgende typering (die sinds half 2012 in Nederland kan worden uitgevoerd) om de zoönotische epidemiologie van *C. caviae* en andere *Chlamydia*-soorten in kaart te brengen.²⁰ Omdat *C. caviae* tot 1999 geen aparte species was, maar *C. psittaci* werd genoemd, is niet aan te geven of longont-

stekingen bij mensen door *C. caviae* in het verleden zijn benoemd als psittacose. *C. caviae* bij dieren is op dit moment niet meldingsplichtig. In geval van een humane casus voert de NVWA wel bronopsporing uit.

3.4 Een patiënt met conjunctivitis door een *Chlamydia felis*-infectie

Chlamydia felis is een belangrijke verwekker van conjunctivitis bij katten.²¹ Begin 2018 is deze verwekker bij een vrouw van in de dertig in het zuiden van het land vastgesteld. De patiënte had sinds enkele weken een eenzijdige folliculaire conjunctivitis. Omdat de conjunctivitis niet verbeterde na het starten van chlooramfenicol is door de huisarts een swab van de conjunctiva afgenomen vanwege een verdenking van *Chlamydia*-conjunctivitis. Per abuis werd in plaats van *C. trachomatis*-PCR een *Chlamydia* spp. / *C. psittaci* multiplex-PCR aangevraagd, welke positief was. *C. psittaci* werd vervolgens niet bevestigd bij genotypering in het kader van de landelijke psittacose-surveillance. Aanvullende typering met behulp van sequentieanalyse van het PCR-product leverde een identieke sequentie op voor *Chlamydia felis*. Bij brononderzoek bleek dat patiënte 4 katten in huis heeft, waarvan 3, in de maanden voordat patiënte conjunctivitis kreeg, klachten hadden van niezen en afscheiding uit de ogen en de neus. De patiënte is volledig hersteld na een eenmalige gift azitromycine oraal en tetracycline oogzalf. De NVWA heeft geen aanvullende diagnostiek bij de katten gedaan omdat de dieren inmiddels hersteld waren en de patiënte daar geen toestemming voor gaf. *C. felis* is een bekende, maar zelden vastgestelde verwekker van folliculaire conjunctivitis bij mensen; wereldwijd zijn 6 casus gedocumenteerd. *C. felis* is primair een ziekteverwekker bij katten (chlamydiose) en uit zich meestal met een lichte conjunctivitis en soms een bovenste luchtweginfectie. Verspreiding vindt plaats via direct contact.

3.5 ESBLAT: onderzoek naar ESBL's

Het ESBLAT consortium (ESBL-ATtributie) heeft onderzocht welke bijdrage dierlijke en milieu reservoirs leveren aan het ESBL-dragerschap bij de mens. Daarnaast is onderzocht in hoeverre verschillende overdrachtsroutes (transmissie), zoals vleesconsumptie en zwemmen in oppervlaktewater, bijdragen aan de blootstelling van de algemene bevolking aan ESBLs. Het onderzoek consortium bestond uit de universiteiten van Wageningen en Utrecht (coördinatie), het RIVM, het UMC Utrecht, de Gezondheidsdienst voor Dieren, Vion Food Group en van Drie Group. Het onderzoek was onderdeel van het publieke private onderzoeksprogramma 1Health4Food.

ESBLs, dat staat voor Extended-Spectrum Bèta-Lactamasen, zijn enzymen die door bacteriën worden geproduceerd. ESBLs kunnen voor de mens en dier belangrijke antibiotica zoals penicillines en cefalosporines afbreken waardoor ze hun werking verliezen. Hoewel de term ESBL strikt genomen staat voor de enzymen, wordt deze term vaak ook gebruikt om de bacteriën zelf aan te duiden. De bacteriën die ESBLs kunnen produceren zijn meestal gewone darmbacteriën, zoals *Escherichia coli*. Deze bacteriën zijn onschadelijk zolang ze zich in de darm bevinden van gezonde personen of dieren (dragers), maar kunnen bij patiënten infecties veroorzaken, zoals blaasontsteking.²² Infecties met ESBL-producerende bacteriën zijn niet zozeer ernstiger dan bacteriën zonder resistentie, maar ze zijn moeilijker te behandelen, omdat antibiotica uit de bèta-lactamgroep (zoals penicillines en cefalosporinen) geen effect meer hebben. Sinds de eeuwwisseling komen ESBLs in toenemende mate bij mens en dier voor.

Breed onderzoek onder mens, dier en in het milieu

Tijdens dit onderzoek is informatie verzameld over de aanwezigheid van ESBL-producerende *E. coli* bij verschillende landbouwhuisdieren zoals koeien, kippen en varkens, evenals bij huisdieren, oppervlakte- en afvalwater en wilde vogels. ESBL-dragerschap bij de mens is onderzocht bij patiënten in ziekenhuizen en huisartsenpraktijken, mensen in de algemene bevolking en veehouders.

De genetische informatie van de verschillende soorten ESBLs, de mate waarin die voorkomen en de aantallen ESBL-producerende *E. coli* bacteriën per reservoir zijn verzameld uit 35 Nederlandse studies met meer dan 27.000 observaties in de periode tussen 2005-2015. Deze studies waren al eerder uitgevoerd of zijn in het kader van het ESBLAT-onderzoeksproject geïnitieerd.

ESBLs komen overal voor

In alle onderzochte reservoirs, van zowel mens, dier als milieu, kwamen ESBL-producerende *E. coli* voor. De hoogste percentages werden gevonden bij pluimvee, op vlees van pluimvee en in oppervlaktewater (50 tot 100%). Bij de algemene bevolking lag dit rond de 5%. Een hogere kans op dragerschap werd gevonden bij mensen die door hun beroep meer kans hebben op blootstelling aan dierlijke reservoirs, zoals veehouders en slachthuismedewerkers (4 tot 33%).

Ook alle ESBL-genen zijn overal

Door de genetische overeenkomst van ESBL-genen tussen reservoirs in kaart te brengen ontstaat een beeld van de mogelijke transmissieroutes tussen deze reservoirs. Hoe groter de genetische overeenkomst, hoe aannemelijker dat er daadwerkelijk overdracht heeft plaatsgevonden, al zegt het niets over de richting van

deze transmissie. In alle onderzochte reservoirs en transmissieroutes werd een grote diversiteit aan ESBL-genen gevonden. Een opvallende bevinding was dat alle ESBL-genen ook in alle reservoirs voorkomen, zij het in verschillende mate.

Uitwisseling tussen mensen onderling levert grootste bijdrage

ESBL-genen uit de algemene bevolking en patiënten vertonen onderling grote genetische overeenkomsten, terwijl soorten uit de veehouderij (vee, vlees) beduidend minder overeenkomen met die van de mens. De gevonden verschillen tussen ESBLs in mensen en in de veehouderij suggereren dat landbouwhuisdieren, met inbegrip van pluimvee en vlees van pluimvee, een kleine bijdrage leveren aan ESBLs die voorkomen bij de mens in vergelijking met de bijdrage van de mens zelf. Dat de mens zelf de belangrijkste bron is van ESBLs, is in lijn met het recent uitgebrachte ECDC/EFSA/EMA-rapport, waarin het gebruik van cefalosporines in de humane gezondheidszorg als belangrijkste oorzaak voor het voorkomen van ESBL-producerende *E. coli* bij de mens werd genoemd.²³ Een uitzondering vormen veehouders. De verdelingen van ESBL-genen in deze groepen vertonen een sterke gelijkenis met die in het eigen vee en verschillen van die van anderen bevolkingsgroepen. Dit suggereert dat contact met vee bij deze groep de meest waarschijnlijk transmissieroute is.

ESBL-bijdrage gezelschapsdieren nog onduidelijk

De ESBL-soorten van honden leken zowel op die van mensen als die van de veehouderij. Dit is vermoedelijk deels te verklaren door het intensieve contact van de hond met zijn eigenaar, maar deels ook door het eten van besmette rauwe vleesproducten en coprofagie (het eten van ontlasting uit de omgeving). Of direct contact met gezelschapsdieren leidt tot een hogere kans op ESBL-dragerschap bij mensen is binnen ESBLAT niet aangetoond.

ESBL-bijdrage door vlees eten, zwemmen en veehouderijlucht gering

Op basis van zwemfrequentie, wateropname en watercontaminatie is de blootstelling van zwemmers aan ESBLs geschat. Hetzelfde is gedaan voor de blootstelling door consumptie van varkens-, kip- en rundvlees. Hiervoor zijn gegevens over de mate van besmetting van vlees en vleesproducten gecombineerd met informatie over de consumptiefrequentie.

De analyses laten zien dat zowel zwemmers als consumenten worden blootgesteld aan lage concentraties ESBLs. De blootstelling door consumptie van vlees, en vooral rauwe vleesproducten, is hoger dan de blootstelling aan ESBLs via zwemmen. Op dit moment zijn er in Nederland geen epidemiologische studies die

laten zien dat blootstelling door vleeseten of zwemmen leidt tot een verhoogde kans op dragerschap in de algemene bevolking of infecties bij patiënten. Ook omwonenden van veehouderijbedrijven zijn blootgesteld aan ESBLs in de lucht. Onderzoek onder omwonenden in de Veehouderij en Gezondheid Omwonenden studie (VGO) liet zien dat deze blootstelling niet resulteert in een verhoogde kans op dragerschap.²⁴

Rekenmodel verspreiding van ESBLs bevestigt geringe bijdrage dier en milieu

De eerste verkennende attributieanalyse, gebruikmakend van reeds bestaande modellen, ondersteunt eerdere studies die concludeerden dat ESBL-producerende *E. coli* bij de mens slechts in beperkte mate kunnen worden toegeschreven aan dierlijke bronnen en oppervlaktewater.

Door de vele mogelijke verspreidingsroutes en reservoirs is een kwantitatieve analyse van de bijdrage aan ESBL bij de mens uitermate complex en voorsnog niet goed mogelijk zonder veel voorveronderstellingen die niet goed onderbouwd kunnen worden met meetgegevens. Zelfs met de omvangrijke hoeveelheid nieuwe gegevens die verkregen zijn in de ESBLAT-studies blijven er nog vragen over. Deze vragen hebben vooral betrekking op de duur van ESBL dragerschap bij mensen en dieren, de relatie tussen de mate van blootstelling en de kans op dragerschap (blootstelling-effectrelatie) en de rol van internationaal reizen. Ook kan nog geen volledig en kwantitatief beeld van de transmissieroutes van verschillende reservoirs naar de mens worden gegeven (direct contact, voedsel, milieu).

Blijvende monitoring ESBL cruciaal

Voorsnog lijkt de mens zelf de belangrijkste bron van ESBL-producerende *E. coli* die bij patiënten infecties veroorzaken. Hoewel de directe bijdrage vanuit de voedselketen en het oppervlaktewater op dit moment gering lijkt, zijn het wel zeer grote reservoirs die altijd een bron van blootstelling en verspreiding zullen blijven en daarom blijft de ESBL aandacht vragen. Monitoring van ESBLs in de verschillende reservoirs is cruciaal om veranderingen in de dynamiek tijdig te herkennen. Infectiecontrole en verantwoord gebruik van antibiotica (*antibiotic stewardship*) in de gezondheidszorg en de diergeneeskunde blijven van belang om verdere verspreiding van ESBLs te voorkomen.

Het volledige ESBLAT rapport is te vinden op <https://www.wur.nl/nl/nieuws/Kans-op-besmetting-met-ESBL-via-veehouderij-is-klein.htm>

3.6 Rauwe varkensworsten zoals cervelaat, salami en boerenmetworst geassocieerd met hepatitis E

Achtergrond

Hepatitis E is een zoönotisch virus dat ontsteking van de lever kan veroorzaken. In Nederland en West Europa komt vooral genotype 3 (gt3) voor. De prevalentie van antistoffen tegen hepatitis E-virus (HEV) gt3 stijgt met de leeftijd en naar verwachting heeft ongeveer 27% van de populatie in Nederland antistoffen tegen het virus. Dit wijst erop dat de infectie in het verleden is doorgemaakt.²⁵ De meeste mensen worden niet ziek van dit virus. Klinische infecties komen vooral voor bij mannen van middelbare leeftijd met onderliggende ziektes of aandoeningen. Hepatitis E kan ernstig verlopen bij mensen met een onderdrukt afweersysteem en bij patiënten met al bestaand leverlijden.²⁶ In Nederland is het aantal positieve testuitslagen van hepatitis E in de virologische weekstaten vervijfvoudigd sinds 2014. Ook in andere Europese landen wordt een verheffing van het aantal patiënten met hepatitis E gerapporteerd.²⁶⁻²⁹ Het is op dit moment onduidelijk wat de oorzaak is van de toename van hepatitis E in Nederland en andere Europese landen. Het virus komt in heel Europa veelvuldig voor onder varkens, welke worden gezien als het belangrijkste reservoir van hepatitis E.³⁰ De detectie van HEV gt3 stammen bij mensen die gelijk zijn aan stammen die worden aangetroffen bij varkens en wilde zwijnen, suggereert zoönotische transmissie, via besmet voedsel (zoals rauw of onvoldoende verhit varkensvlees) ofwel via het milieu.^{31,32}

Bloeddonaties

HEV kan ook overgedragen worden via bloedproducten (bloedtransfusie). Mensen die bloedproducten krijgen hebben vaak een verzwakt immuunsysteem, waardoor besmetting voor hen ernstige gevolgen kan hebben. Om een deel van de besmettingen bij patiënten te voorkomen test Stichting Sanquin Bloedvoorziening sinds juli 2017 alle bloeddonaties op aanwezigheid van HEV. Zonder HEV-screening worden naar schatting jaarlijks 187 mensen via bloedtransfusie met HEV besmet, met HEV-screening daalt dit tot 13 mensen.³³

Risicofactoren

Tussen 2015 en 2017 voerde het RIVM twee studies uit naar risicofactoren voor hepatitis E in Nederland: een patiënt-controleonderzoek onder acute hepatitis E patiënten en onderzoek onder de bloeddonoren van Sanquin.^{34,35} Beide studies wijzen erop dat individuen in de Nederlandse open populatie hepatitis E voornamelijk oplopen door consumptie van droge en/of gefermenteerde worsten van rauw varkensvlees (cervelaat,

salami, boerenmetworst, snijworst, fijnkost en salametti). Consumptie van deze rauwe varkensworsten werd in het patiënt-controleonderzoek gerapporteerd door 72% van de acute hepatitis E patiënten, tegenover 46% van de controlepersonen. In de studie onder bloeddonoren van Sanquin hadden bloeddonoren die consumptie van rauwe varkensworst rapporteerden, vaker antistoffen tegen HEV in het bloed (35%) dan bloeddonoren die dat niet rapporteerden (26%). Om HEV volledig te inactiveren, moeten vleesproducten gedurende tenminste 20 minuten te verhit worden tot 70°C.³⁶ Omdat deze varkensworsten niet verhit worden tijdens de productie, is het aannemelijk dat infectieus virus kan overleven in worsten die rauw gegeten worden zoals cervelaat, salami, boerenmetworst. Een rapport van de Nederlandse Vereniging voor de Vleeswarenindustrie dat in 2017 verscheen, concludeerde dat met name droge en/of gefermenteerde worsten een verhoogd risico vormen op blootstelling aan HEV, omdat in deze worsten varkensmiddenrif wordt verwerkt, waaraan nog kleine hoeveelheden varkenslever kunnen zitten.³⁷ Op basis van deze bevinding heeft VNV haar leden opgeroepen om geen middenrif meer in onverhitte vleesproducten te gebruiken. Omdat het virus ernstige ziekte kan veroorzaken bij mensen met een onderdrukt afweersysteem en bij patiënten met al bestaand leverlijden, wordt aan deze patiëntengroepen via hun behandelaar geadviseerd om deze worsten niet te eten.

Uit deze studies blijkt ook dat patiënten met hepatitis E en mensen met antistoffen tegen het virus vaker contact met fecaal verontreinigd water hebben gehad, bijvoorbeeld tijdens het werken met een septische tank. Dit werd gerapporteerd door 1,1% van de hepatitis E patiënten, tegenover 0,3% van de controlepersonen. Slechts 65 van 1562 bloeddonoren rapporteerden contact met verontreinigd water en de helft van hen (46%) had antistoffen tegen HEV, tegenover 31% van de bloeddonoren die geen contact met water rapporteerden. Direct contact met varkens geeft ook een verhoogde kans op hepatitis E. Dit werd gerapporteerd door 3,5% van de acute hepatitis E patiënten, tegenover 1,9% van de controlepersonen. Contact met fecaal verontreinigd water en direct contact met varkens waren sterke risicofactoren, maar werden niet vaak gerapporteerd en dragen daarom niet veel bij op populatieniveau.

3.7 Geraadpleegde literatuur

1. <https://waarneming.nl/waarneming/view/142671512>
2. Mulder, J.L. (2013a) De wasbeerhond heeft vaste voet in Nederland. 2013 24, 1-3
3. Meijer, K., Klop, E. (2014) Risicoanalyse van de wasbeerhond in Nederland. A&W-rapport 1984. (Altenburg & Wymenga ecologisch onderzoek, Feanwâlden)
4. Mulder, J.L. (2013b) The raccoon dog (*Nyctereutes procyonoides*) in the Netherlands - its present status and a risk assessment. Lutra 56, 23-43
5. Van der Grift, E.A., et al (2016) Onderzoek naar het voorkomen van de wasbeer in Nederland. Wageningen Rapport (Wageningen, Wageningen Environmental Research)
6. Van den End, S., et al (2014) Het volksgezondheidsrisico van de wasbeerhond in Nederland – Een literatuurstudie. RIVM Concept Briefrapport 68/2014 Z&O
7. Thiess, A., (2004) Untersuchungen zur Helminthenfauna und zum Vorkommen von *Trichinella* sp. beim Marderhund (*Nyctereutes procyonoides*) in Brandenburg. Freie Universität Berlin
8. Malakauskas, A., et al (2007) Molecular epidemiology of *Trichinella* spp. in three Baltic countries: Lithuania, Latvia, and Estonia. Par Res 100
9. Kühn, A., et al (2013) Tularaemia seroprevalence of captured and wild animals in Germany: the fox (*Vulpes vulpes*) as a biological indicator. Epi & Inf 141
10. Schwarz, S., et al (2015) [The raccoon roundworm (*Baylisascaris procyonis*)--no zoonotic risk for Brandenburg?]. Berl Munch Tierarztl Wochenschr 128
11. Maas, M., et al (2016) First findings of *Trichinella spiralis* and DNA of *Echinococcus multilocularis* in wild raccoon dogs in the Netherlands. Int J Parasitol Parasites Wildl 5
12. Sutor A. (2008) Dispersal of the alien raccoon dog *Nyctereutes procyonoides* in Southern Brandenburg, Germany. Eur. J. Wildl. Res. 54, 321-326
13. Pannwitz, G., et al (2010) Increased prevalence of *Trichinella* spp., northeastern Germany, 2008. Emerg Infect Dis 16, 936-942
14. Graeff-Teixeira, et al (2016) Update on Baylisascariasis, a Highly Pathogenic Zoonotic Infection. Clin Microbiol Rev 29, 375-399.
15. Ramakers B.P., et al (2017) Zoonotic *Chlamydia caviae* presenting as community-acquired pneumonia. The New England journal of medicine. 377(10)
16. van Grootveld R., et al (2018) *Chlamydia caviae* causing community-acquired pneumonia: an emerging zoonosis. Vector borne and zoonotic diseases
17. Lutz-Wohlgroth L., et al (2006) Chlamydiales in guinea-pigs and their zoonotic potential. J Vet Med A, Physiology, pathology, clinical medicine. 53(4)
18. Pantchev A., et al (2010) Detection of all *Chlamydomphila* and *Chlamydia* spp. of veterinary interest using species-specific real-time PCR assays. Comparative immunology, microbiology and infectious diseases. 33(6)
19. Gaede W., et al (2010) Detection of *Chlamydomphila caviae* and *Streptococcus equi* subsp. *zooepidemicus* in horses with signs of rhinitis and conjunctivitis. Vet Micro 142(3-4)
20. Heddema E.R., et al (2015) Typing of *Chlamydia psittaci* to monitor epidemiology of psittacosis and aid disease control in the Netherlands, 2008 to 2013. Euro Surveill 20(5)
21. <http://www.abcdcatsvets.org/chlamydia-chlamydomphila-felis/>
22. <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/brmo>
23. <https://www.efsa.europa.eu/en/efsajournal/pub/4872>
24. https://www.rivm.nl/Onderwerpen/V/Veehouderij_en_gezondheid/Onderzoek_veehouderij_en_gezondheid_omwonenden_VGO
25. Slot, E., et al (2013) Silent hepatitis E virus infection in Dutch blood donors, 2011 to 2012. Euro Surveill 18(31)
26. Kamar, N., et al (2012) Hepatitis E. The Lancet 379(9835)
27. Dalton, H.R., et al (2014) Hepatitis E virus: current concepts and future perspectives. Curr Infect Dis Rep 16(4)
28. Ijaz, S., et al (2014) Indigenous hepatitis E in England and Wales from 2003 to 2012: evidence of an emerging novel phylotype of viruses. J Infect Dis 209(8)
29. Lewis, H.C., et al (2010) Transmission routes and risk factors for autochthonous hepatitis E virus infection in Europe: a systematic review. Epidemiol Infect 138(2)
30. EFSA Panel on Biological Hazards (BIOHAZ), et al., Public health risks associated with hepatitis E virus (HEV)
31. Bouwknegt, M., et al (2008) Estimation of hepatitis E virus transmission among pigs due to contact-exposure. Vet Res 39(5)
32. Rutjes, S.A., et al (2009) Sources of hepatitis E virus genotype 3 in The Netherlands. Emerg Infect Dis 15(3)
33. Gezondheidsraad. Testen van bloeddonaties op hepatitis E-virus. Nr. 2018/18.
34. Mooij, S.H., et al (2018) Risk factors for hepatitis E virus seropositivity in Dutch blood donors. BMC Inf Dis 18(1)

35. Tulen, A.D., et al Risk factors for acute hepatitis E in the Netherlands. [manuscript in preparation]
36. Barnaud, E., et al (2012) Thermal inactivation of infectious hepatitis E virus in experimentally contaminated food. *Applied and environmental microbiology AEM*. 00436-12.
37. Bouwknecht M., et al (2017) Comparative exposure assessment to prioritize pork products for potential foodborne hepatitis E virus transmission. Vion, Boxtel, the Netherlands; Stegeman, Deventer, the Netherlands; Dutch Meat Products Association, Zoetermeer, the Netherlands; Zwanenberg, Almelo, the Netherlands; Darling Ingredients, Son, the Netherlands.

4 Integrale aanpak Zoönosen

Aanhaken & haken aan One Health

4.1 Inleiding

Box 1 One Health samenwerking – voorbeeld 1

Op de Sallandse Heuvelrug is een rijke populatie aan reeën. Teken voeden zich met bloed van deze grazers. Sinds enkele jaren is een nieuwe ziekte bij mensen gesignaleerd in Nederland: Teken encefalitis (*Tick Borne Encephalitis*, TBE).¹ Teken in Nederland kunnen dus niet alleen Lyme ziekte verspreiden, maar ook het TBE-virus (TBEV). Reeën zijn niet zozeer reservoirs voor TBEV, maar spelen een belangrijke rol bij de overleving en verspreiding van de tekenpopulatie en als signaal van aanwezigheid van het virus. De trans disciplinaire samenwerking tussen jagers, boswachters, gemeente medewerkers (ruimtelijke ordening), entomologen, huisartsen, GGD artsen, medisch microbiologen, epidemiologen en beleidsmedewerkers voor de preventie en bestrijding van TBE past goed in een *One Health* thema.

Het principe van One Health en wat daarmee bedoeld kan worden

‘Als je goed kijkt zie je dat principes van *One Health* (on) bewust veel worden toegepast’

Lapo Mughini-Gras, Ashis Brahma, Mathilde Uiterwijk

4.1.1 Achtergrond en ontstaan van One Health

Vanuit een puur biologisch oogpunt zijn mensen één soort te midden van andere soorten binnen het dierenrijk. Hoewel de mens speciale capaciteiten, eigenschappen en vaardigheden heeft, deelt *Homo sapiens* ook veel kenmerken met andere diersoorten, die zeker relevant zijn als het begrip (volks)gezondheid wordt besproken.²

In de eerste jaren van de 21e eeuw creëerden opkomende zoönotische virussen, die mogelijk een pandemie konden veroorzaken, verschillende internationale crises (Tabel 4.1).³ Wetenschappers en belanghebbenden over de hele wereld erkenden dat er meer interdisciplinaire samenwerking nodig was om zoönosen beter te bestuderen en effectief te kunnen bestrijden.

Dergelijke samenwerking zou niet alleen artsen en dierenartsen, maar ook onder andere milieuwetenschappers, entomologen, sociologen, *wildlife* experts, economen, planologen en antropologen moeten omvatten. De term *One Health* werd voorgesteld als een concept om dergelijke interdisciplinaire samenwerking te bevorderen. Dit werd voorgesteld als een paraplu waar alle disciplines onder vallen (Figuur 4.1). De *One Health*-gedachte gaat er vanuit dat mens, dier en hun omgeving geen gescheiden compartimenten zijn en dat ontwikkelingen in het ene compartiment invloed heeft op de andere compartimenten. Aanvankelijk leek de *One Health*-discussie vooral gericht te zijn op landbouwhuishoudingen, maar er is nu een toenemende belangstelling om ook de rol van bijvoorbeeld huisdieren te belichten.

One Health werd met groot enthousiasme door de wetenschappelijke gemeenschap, vooral door het veterinaire gebied, aangenomen en door verschillende internationale organisaties, die zich onder andere bezig houden met de bestrijding van zoonosen, gesponsord, in het bijzonder de FAO, de WHO en de OIE. Wereldwijd werd het concept *One Health* gepromoot om over de domeinen heen onderwerpen zoals (microbiologische en chemische) voedselveiligheid, antimicrobiële resistentie, opkomende bedreigingen, milieu- en klimaatverandering aan te pakken. Als gevolg hiervan wordt de term *One Health* in een breed spectrum van contexten gebruikt en door mensen met verschillende achtergronden. Er lijkt echter enige verwarring te bestaan over wat de term eigenlijk betekent, en vaak wordt het 'misbruikt' als synoniem van

Figuur 4.1 De *One Health* paraplu (afbeelding uit Lerner et al², met permissie)

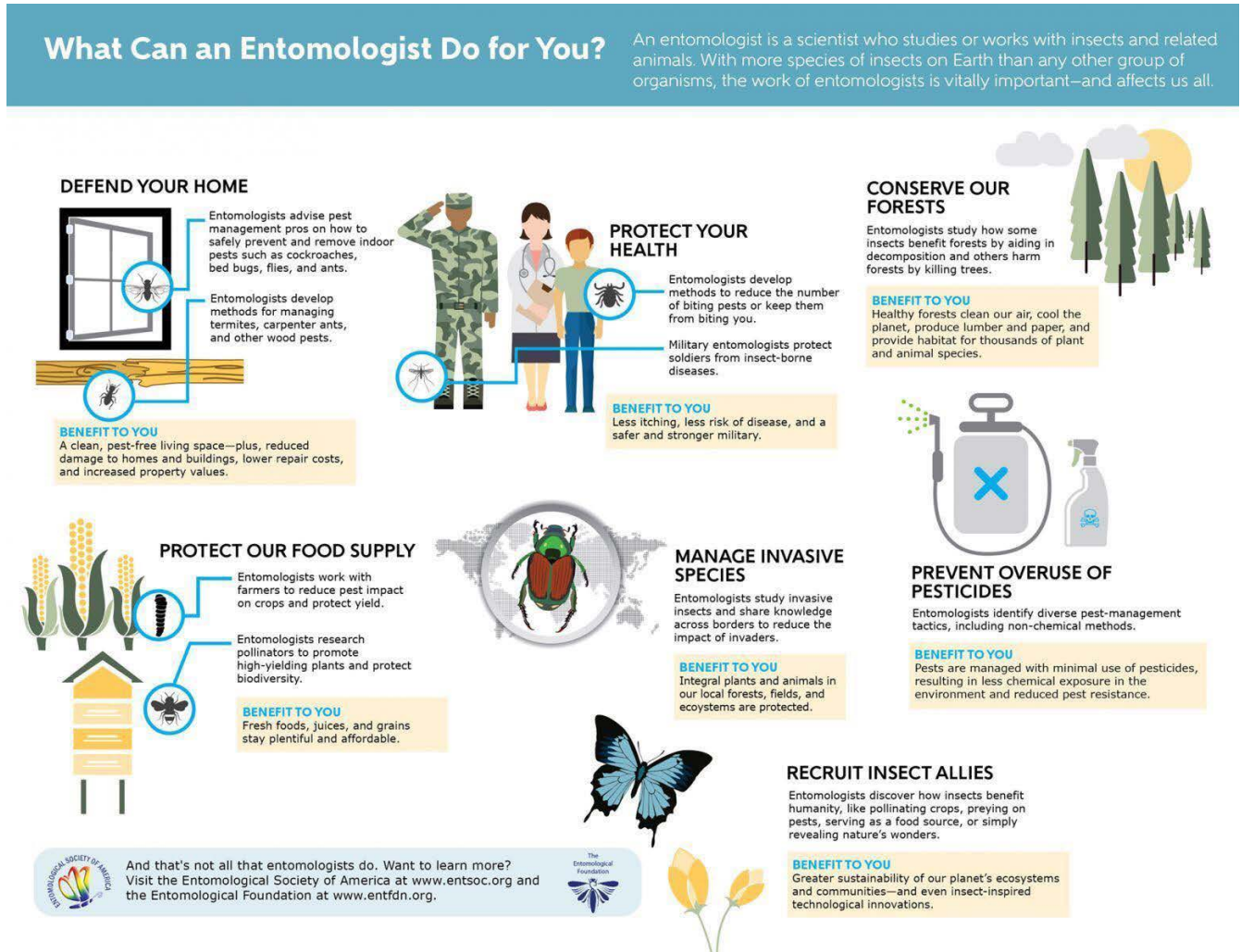


aangrenzende vakgebieden zoals *One Medicine*, *Comparative Medicine*, *Translational Medicine*, *Evolutionary Medicine* en *Ecosystem Health*, en zelfs gewoon als synoniem van zoonosen of humaan-veterinaire samenwerking.

Tabel 4.1 Voorbeelden van een aantal virale (re)emerging zoonosen die van belang zijn voor de volksgezondheid en leiden tot specifieke zorgen (vrij naar Gibbs⁴)

Ziekte	Impact op dieren	(mogelijke) impact op mensen	Transmissie	Inzetbaar bij bioterrorisme?	Zorgen
West Nijl encefalitis	+++	+++	Via vectoren (muggen)	Nee	Verdere verspreiding in Europa en Zuid-Amerika
Mond-en klauwzeer	++++	+/-	(In)direct contact	Ja	Herintroductie in Europa en Amerika
Middle East Respiratory Syndrome (MERS-CoV)	+/-	+++	Nog niet helemaal opgehelderd. (In)direct contact. Voedsel?	?	Verdere verspreiding in Midden-Oosten en rest van de wereld
Apenpokken (monkeypox)	+	++	(In)direct contact	Ja	Dat het de plek inneemt van de geëradiceerde pokken (<i>smallpox</i>)
Vogelgriep H5 & H7	++++	++++	(In)direct contact	Ja	Aanpassing aan humane cellen, waardoor een goede verspreiding tussen mensen mogelijk is
Ebola	+++	++++	(In)direct contact	Ja	Verspreiding buiten (delen van) Afrika

Figuur 4.2 De bijdragen van entomologen in een *One Health* aanpak (met dank aan *Entomological Society of America*)



Box 2. *One Health* samenwerking– voorbeeld 2

Klimaat verandering zorgt voor warmere en drogere zomers. Exotische insecten zoals de Aziatische tijgermug (*Aedes albopictus*) krijgen de kans om zich hier jaarlijks – vooralsnog tijdelijk – te vestigen. De Aziatische tijgermug is een gekende vector van o.a. gele koorts, dengue, Westnijkkoorts en Zika. *One Health* samenwerking speelt een belangrijke rol bij het alert blijven en het inschatten van de reële risico's voor de Nederlandse situatie. In een samenspel tussen ornithologen, entomologen (Figuur 4.2), epidemiologen, microbiologen, overheid, planologen/architecten, wetenschappers, infectieziektebestrijders en lokale, regionale en landelijke bestuurders zal monitoring, vroeg signalering en mogelijk bestrijding van deze vector en ziekten plaats moeten vinden. Ook kunnen zo effectieve preventieve maatregelen, zoals het zoveel mogelijk voorkomen van het ontstaan van geschikte broedplaatsen, genomen worden.

4.1.2 Definitie van *One Health*

Het definiëren van de grenzen van *One Health* is evengoed moeilijk, omdat *One Health* de gezondheid bevordert van alle dier- en plantensoorten en het milieu door middel van interdisciplinaire studies en samenwerking. In deze context wordt de definitie van gezondheid, aangenomen in 1948 door de WHO, vaak gebruikt. Daarbij wordt gezondheid gedefinieerd als een 'toestand van volledig lichamelijk, geestelijk en sociaal welzijn en niet alleen de afwezigheid van ziekte of handicap'. Een alternatief voor de definitie van de WHO die niet alleen hipper, maar ook beter passend bij deze tijd is het concept van positieve gezondheid van Machteld Huber.⁵ In dit concept wordt gezondheid gezien als het vermogen van mensen om met de fysieke, emotionele en sociale levensuitdagingen om te gaan en zoveel mogelijk eigen regie te voeren. In deze visie is gezondheid niet langer meer strikt het domein van de zorgprofessionals, maar van ons allemaal binnen zes gezondheidsdimensies: lichaamsfuncties, mentale

functies en -beleving, spiritueel/existentiële dimensie, kwaliteit van leven, sociaal maatschappelijke participatie, en dagelijks functioneren.

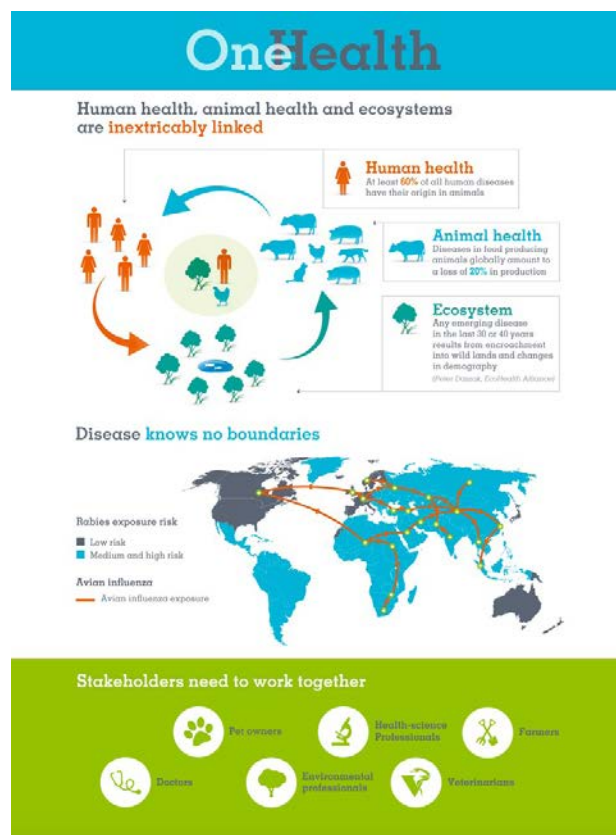
Box 3. One Health samenwerking- voorbeeld 3

Gemeenten, planologen en architecten hebben oog voor ontwikkelingen met betrekking tot klimaat-adaptatie en waterhuishouding. Er wordt ingezien dat meer natuur, in de vorm van groen en water, bijdraagt aan een goede gezondheid en welzijn. Groene en Blauwe scholen, wijken en gebouwen worden ontworpen en ingericht.⁶ Het is een gemiste kans als deze gunstige ontwikkelingen tegelijkertijd gepaard gaan met een toename van het aantal teken, muggen, ratten, blauwalgen en planten die hooikoorts kunnen veroorzaken, waardoor er juist gezondheidsschade ontstaat. Realiseren dat maatregelen ter bevordering én ter bescherming van de gezondheid genomen moeten worden is een belangrijk begin van het creëren van een gezonde habitat.⁷ Een One Health aanpak is hiervoor ideaal.

Er zijn veel verfraaiingen op het centrale thema van One Health die meestal de missie van de verschillende organisaties weerspiegelen. Onder de vele definities van One Health is mogelijk degene van de One Health Initiative de meest 'neutrale' definitie.⁸ Deze beschouwt het One Health-concept als een wereldwijde strategie voor het uitbreiden van interdisciplinaire samenwerking en communicatie in alle aspecten van de gezondheidszorg voor mens, dier en milieu. Deze definitie is inderdaad breder dan de meeste en tegelijkertijd wat vaag in zijn reikwijdte. Ondanks het ontbreken van een officiële definitie, heeft het concept van One Health het enthousiasme veroverd van velen die de gezondheid van de mensen, dieren en milieu proberen te verbeteren via een sterkere interdisciplinaire samenwerking, en misschien is het wel de elasticiteit van dit concept dat het zo aantrekkelijk maakt voor verschillende disciplines (Figuur 4.3).

Andere termen zijn ook voor soortgelijke doeleinden gebruikt. Het is daarom goed om stil te staan bij de verschillende termen die worden gebruikt, om het gebied af te bakenen. Vaak worden de termen One Medicine en Comparative Medicine bijvoorbeeld als synoniem van One Health beschouwd.² Terwijl de term One Health voornamelijk, hoewel niet uitsluitend, wordt gebruikt in verband met zoönotische infecties, zijn er natuurlijk ook andere gezondheidsaspecten en gedeelde problematieken die mensen en andere diersoorten gemeen hebben, bijvoorbeeld allergieën, epilepsie, diabetes, hypertensie, lupus, onvruchtbaarheid, kanker enzovoorts. In veel gevallen worden dieren gebruikt als model voor ziekten bij de mens, en in sommige gevallen

Figuur 4.3 Eén van de vele manieren om het One Health concept af te beelden (Bron: healthforanimals.org)



is de kennis over bepaalde ziekten of ziektebeelden ook teruggebracht naar bepaalde diersoorten. Dit fenomeen wordt vaak *Comparative Medicine* genoemd. *Comparative Medicine* is gebaseerd op het idee om mensen te vergelijken met een of meer gekozen diersoorten, of andersom. Dit is eigenlijk iets dat dierenartsen vaak doen. Zeker tijdens hun universitaire opleiding moeten ze altijd rekening houden met verschillen en overeenkomsten in bijvoorbeeld anatomie, fysiologie, pathologie en ecologie tussen diersoorten, en het vergelijken van de verschillende soorten omvat, hoewel niet altijd noodzakelijkerwijs, *Homo sapiens*. *One Medicine* is dan een stap verder, want het streeft naar gemeenschappelijke oplossingen voor gedeelde problematieken bij de mens en dieren. Voor praktische doeleinden en ondanks de ontdekking van talrijke overeenkomsten van gedeelde gezondheidsproblematieken tussen mensen en dieren, ging het *One Medicine* concept verloren en ontwikkelden de medische en veterinaire disciplines zich tot afzonderlijke beroepen.

In de context van One Health wordt de term *Translational Medicine* soms ook genoemd om te illustreren hoe verschillende kennis in elementaire wetenschappelijke

disciplines kan worden ‘vertaald’ in nieuwe of verbeterde therapieën, procedures, diagnostische hulpmiddelen of beleid voor individuen en populaties. *Translational Medicine* kan zeker worden beschouwd als een relevant aspect van *One Health*, maar het verschil is dat *One Health* staat voor een echte inter- en soms transdisciplinaire aanpak, en niet alleen maar vertalen van elkaars kennis. *Evolutionary Medicine* is eigenlijk een poging om biologische concepten over macro- en microevolutie, *fitness* en omgevingseffecten over te nemen op medisch denken.⁹ De verschuiving van deze concepten naar *One Health* weerspiegelt gedeeltelijk een mentale verschuiving naar een breder (en meer holistisch) perspectief, waarbij niet alleen infectieziekten, maar ook andere (volks)gezondheidsproblemen en het milieu aan bod komen.²

Box 4. One Health samenwerking– voorbeeld 4

Jaarlijks wordt er in de pluimvee industrie gewerkt aan een gezondere leefomgeving van de kip. Nieuwe technologie wordt getest om tot een reductie van fijnstof en endotoxinen te komen. Men is waakzaam op de risico's van vogelgriep. De Rijksoverheid kondigt bij een uitbraak – indien nodig – een ophokplicht, ruiming en vervoers- en verkoop beperkingen aan. Hier ziet men een samenwerking tussen de pluimvee industrie, NVWA, GGD, RIVM, lokaal bestuur, (lokale) media en andere partijen.

Het begrip van ‘health’ binnen *One Health* kan op tenminste drie verschillende niveaus worden gedefinieerd: individu, populatie, en ecosysteem. Op het eerste niveau worden twee concepten gebruikt: diergezondheid en humane gezondheid (zoals de WHO definitie, hoewel een definitie van gezondheid die van toepassing is op alle dieren, inclusief de mens, nog gevonden moet worden). De reden om mensen te scheiden van dieren en niet dieren van dieren, is eigenlijk een normatieve kwestie (vanuit traditie ontstaan). Op het populatieniveau is dus de volksgezondheid (*Public Health*), *Herd Health* of *Population Health* van toepassing. Hier is het begrip gezondheid wat problematischer en wordt hoofdzakelijk gebruikt in verband met het ‘bewaken’ van ziektelast en ziektepatronen in de populatie. In deze gevallen draagt dan het gezondheidsbegrip ook een statistische component, want een aantal personen binnen een groep kunnen wel ongezond zijn zelfs als de groep als geheel als gezond beschouwd kan worden. Op ecosystemeniveau praten we over *Ecosystem Health* en *Eco Health*. Een ecosysteem verwijst naar flora, fauna, andere organismen en de omgeving. *Ecosystem Health* is een indicator van de functie van dit systeem, dat wil zeggen, de status van een ecosysteem ten opzichte van een

referentieconditie van equilibrium waarin alle (levende en niet-levende) elementen met elkaar interageren om in balans te blijven.¹⁰ De gezondheid van ecosystemen is dan een alomvattende en geïntegreerde benadering, die de gezondheid van de levende en niet-levende componenten, inclusief effecten van menselijke activiteit en natuurlijke evenementen, van het ecosysteem weerspiegelt. *Eco Health* is een verdere stap in de evolutie van het concept van *One Health* en gaat uit van het gegeven dat wij mensen verbonden zijn met onze leefomgeving, bijvoorbeeld hoe veranderingen in de biologische, fysieke, sociale en economische omgeving relateren aan de humane en dierlijke gezondheid, of *vice versa*. Bij natuurvolkeren bestaat kennis die gelijkwaardig gebruikt kan worden naast kennis die gegenereerd is uit wetenschap. De verhalen die natuurvolkeren vertellen geven een duiding aan onze verbondenheid met de natuur. *Eco Health* beseft dat wij zonder natuur, dus zonder flora en fauna niet kunnen bestaan. Zonder de planeet ook niet. Met andere woorden, de mens is niet de top van de piramide, maar één van de onderdelen van het systeem. In *Eco Health* worden humane en dierlijke gezondheid en milieu in verband met elkaar gebracht met aandacht voor ‘lokale kennis’ (*indigenous knowledge*). De borging hiervan ligt meestal in kwalitatief onderzoek, waarbij ‘story telling’ en sociale wetenschappen een centralere plaats hebben dan bij het meer kwantitatieve ingestelde natuur wetenschappelijke *One Health*. *Eco Health* wordt sterk gepromoot door organisaties zoals *EcoHealth Alliance*¹¹, een internationale non-profit organisatie die ontstaan is uit de fusie van de *Wildlife Trust* en het *Consortium for Conservation Medicine* en zich toelegt op een *One Health*-benadering om de algehele gezondheid van onze planeet te beschermen, en in het bijzonder om opkomende pandemieën in hotspotregio's over de hele wereld te voorkomen en het (natuur-)behoud te bevorderen. Deze manier van kijken naar gezondheid is dus wat breder dan *One Health* per se, en gezondheid verwijst naar iets anders dan het individuele of bevolkingsniveau. In andere woorden, *One Health* en *Eco Health* zijn geen ‘zelfde wijn in andere flessen’. *One Health* gaat voornamelijk over biomedische vragen, met een nadruk op zoönosen, en is van oudsher meer gezondheidswetenschappelijk gedreven. Het *Eco Health*-concept is gedefinieerd als een ecosystemebenadering van de gezondheid, waarbij de aandacht meer gericht is op omgevings- en sociaaleconomische aspecten en in eerste instantie is ontworpen door ziekte-ecologen die werkzaam zijn op het gebied van behoud van biodiversiteit.¹²

Het moet benadrukt worden dat *One Health* geen eigen onderzoeksthema op zich is maar een echte inter/trans-disciplinaire aanpak. Om dit soort studies uit te

voeren, blijven de individuele basisdisciplines noodzakelijk. Bovendien betekent een *One Health*-aanpak niet dat alle mogelijke aspecten van een bepaalde ziekte in elke studie moeten worden opgenomen. Een dergelijke aanpak zou nogal gecompliceerd en geforceerd zijn, en verre van transparant. Een meer praktische benadering van *One Health* impliceert eigenlijk dat de onderzoekers zich goed bewust zijn van eventuele verbanden met andere soorten, groepen of systemen en bereid zijn dergelijke aspecten waar relevant op te nemen. Niet omdat ze daartoe gedwongen worden, maar omdat het gewoon resulteert in betere en completere onderzoeken en oplossingen (box 1-4, 6-8). Een *One Health*-perspectief kan resulteren in meer holistische studies, omdat verschillende perspectieven elkaar ontmoeten. Bovendien kan een *One Health*-benadering een wetenschappelijke omgeving creëren waarin niet alleen laboratoria of kantoren worden gedeeld door bijvoorbeeld artsen, dierenartsen en milieuwetenschappers, maar waarbij de toegang tot monsters ruimer wordt gedeeld binnen de wetenschappelijke gemeenschap. Op deze manier kunnen idealiter biologische monsters (bijvoorbeeld bloed, feces of rioolwater die soms behoorlijk energieverblindend, duur, ethisch en logistisch ingewikkeld zijn te verzamelen) door verschillende onderzoeksgroepen (vanuit verschillende invalshoeken) worden gebruikt. Een kritisch punt hierbij is dat de privacywetgeving deze *One Health* benadering in de weg kan zitten (box 5).

Box 5 Privacy wetgeving in de praktijk

Er was een uitbraak van diarree. Bij nader onderzoek bleek dat een mogelijke bron een bepaalde kaas zou kunnen zijn. Om privacy redenen is onderzoek naar deze langdurig verlopende uitbraak met frequente nieuwe infecties zeer bemoeilijkt. De producent kon maar met de grootst mogelijke moeite bemonsterd worden vanwege privacy wetgeving.

4.1.3 Kansen en beperkingen van bepaalde *One Health* samenwerkingen

‘One Health vereist openheid voor verschillende benaderingen en optieken. Zonder inspanningen voor de integratie van elkaars kennis zullen we vastzitten met Three Healths’

Het concept van *One Health* heeft in de afgelopen jaren steeds meer belangstelling getrokken van beleidsmakers, academici en het grote publiek. Hoewel *One Health* tot doel heeft onder meer de samenwerking tussen de geneeskundige en diergeneeskundige sectoren te bevorderen, is het concept over het algemeen met veel meer hart ontvangen door dierenartsen dan artsen. Hier kunnen verschillende verklaringen voor zijn, maar een

belangrijke factor is waarschijnlijk dat het samenspel van de veterinaire en medische sectoren binnen de volksgezondheid veel meer uitgesproken is in de diergeneeskunde dan in de medische opleiding. Een andere reden kan de toenemende mate van specialisatie in de humane geneeskunde zijn, die de neiging heeft af te wijken van een holistisch perspectief. Bovendien is vaak lastig voor artsen om boven het gemeenschappelijke antropocentrische standpunt uit te stijgen en zich te realiseren dat zij slechts één van de vele belangrijke bijdragers aan *One Health* zijn. Het integreren van *One Health* op een educatief (universitair) niveau in biomedische, agrarische en milieu curricula is essentieel om dit perspectief een natuurlijk onderdeel te maken van de vooruitzichten van toekomstige professionals, en artsen in het bijzonder. Een belangrijk obstakel bij het ontwikkelen en implementeren van *One Health*-perspectieven is dat ze soms botsen met de onderliggende percepties van de verschillende professionals over wat valt onder het bereik van ‘hun onderwerp’ en wat niet. Deze percepties worden grotendeels gevormd tijdens het universitaire onderwijs. Interventies tijdens die tijd kunnen daarom helpen om nieuwe generaties open te stellen voor het *One Health* perspectief (of andere interdisciplinaire samenwerkingsverbanden) en een holistische benadering onderdeel te maken van hun professionele instelling.

Box 6 *One Health* samenwerking– voorbeeld 5

De aanstaande Omgevingswet geeft burger, ondernemers en de lokale overheid een kans om met elkaar in dialoog te treden over uitbreiding van bijvoorbeeld (pluim)vee bedrijven of, zoals recent, geitenstallen. Hierbij worden zowel het economisch als het gezondheidsbelang gewogen.

Netwerken zijn een essentieel hulpmiddel om *One Health* te promoten, maar omdat *One Health* zo interdisciplinair is in zijn aanpak, kunnen reeds bestaande netwerken zelden worden gebruikt. Grote netwerken kunnen door de overheid, beleidsorganisaties of kennisinstituten gesponsord worden, of kleinere pro bono organisaties zijn. Beide typen zijn belangrijk: institutionele netwerken kunnen stabiliteit en meer middelen bieden, terwijl pro bono netwerken vaak op flexibele en minder politieke wijze kunnen werken. Een voorbeeld hiervan is te vinden in de VS, waar de institutionele *North Carolina One Health Collaborative*¹³ en het pro bono *One Health Initiative*⁸ elk type netwerk vertegenwoordigen en beide bijdragen aan de ontwikkeling van *One Health*.

Communicatie is cruciaal om belangstelling voor *One Health* te creëren en behouden, zowel binnen de wetenschappelijke gemeenschap als tussen beleidsmakers en het grote publiek, om te voorkomen dat het gewoon een modewoord wordt. Succesvolle *One Health*-projecten moeten bijvoorbeeld worden tentoongespreid om te laten zien welke waarde het *One Health*-perspectief toevoegt. De resultaten van deze projecten moeten worden gepubliceerd, wat niet altijd gemakkelijk is, omdat de meeste wetenschappelijke tijdschriften een specifieke focus hebben die vaak niet geschikt is voor interdisciplinair *One Health*-werk.

4.1.4 *One Health* internationaal

Het belang van *One Health* wordt gepromoot door wetenschappers in vele landen en wordt ondersteund door prominente organisaties (bijvoorbeeld WHO, FAO, OIE, World Bank). Er zijn inderdaad steeds meer *One Health*-gerichte initiatieven en projecten, voornamelijk op bestuurlijk (institutioneel) en academisch niveau. Vaak waarden en stimuleren subsidieagentschappen *One Health*-samenwerkingen door herstructurering van subsidieoproepen om complexe onderzoeksvragen met het samenstellen van interdisciplinaire teams en projecten te bevoordelen. Recentelijk heeft een systematisch literatuuronderzoek de interdisciplinariteit in *One Health*-gerichte studies over dynamische pathogeen transmissiemodellen gemeten.¹⁴ Het aantal gepubliceerde *One Health*-gerichte studies steeg met ongeveer 15% per jaar tussen 1990 en 2015, wat sneller was dan de groei van de meeste 'monodisciplinaire' studies. Overlap tussen wetenschappelijke gemeenschappen nam ook in de loop van de tijd toe in termen van aantallen auteurs, diversiteit van co-auteursaffiliaties en diversiteit van citaties.

Het Europese subsidie raamwerk Horizon 2020 en de EU-programma's voor onderzoek en innovatie financieren veel onderzoeksprojecten op het gebied van *One Health*. De onderzoeksprojecten die worden gefinancierd zijn samenwerkingsverbanden binnen de EU of samenwerkingsverbanden tussen instituten uit de EU en organisaties buiten de EU (= derde landen). Het *European Network of Excellence* (NoE) van *Med-Vet-Net* voor onderzoek naar zoönoses werd aanvankelijk gefinancierd door het zesde EU-kaderprogramma (2004-2009). Na 2009 ging het netwerk van acht veterinaire en zeven volksgezondheidsinstituten uit 10 Europese landen zelfstandig verder als *Met-Vet-Net Association*.¹⁵ Deze samenwerking organiseert onder andere wetenschappelijke bijeenkomsten en trainingscursussen, het start oproepen voor collaboratieve *One Health*-projecten en bevordert multidisciplinaire samenwerkingen in *One Health*-onderzoek.

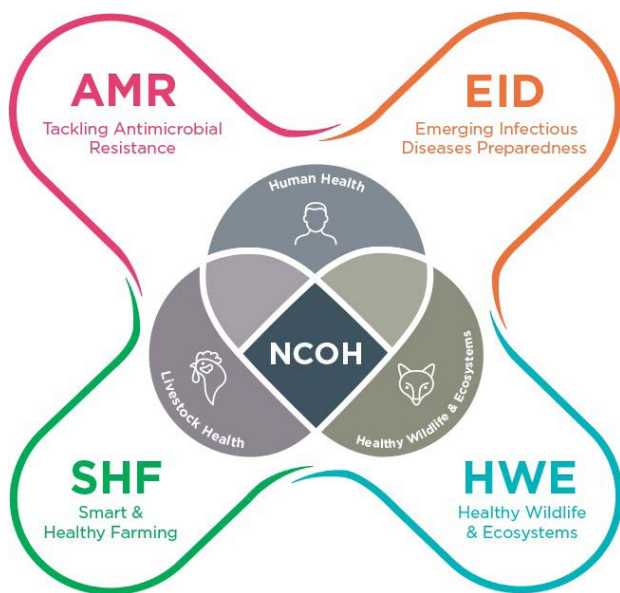
Box 7. *One Health* samenwerking– voorbeeld 6

Resistente genen en bacteriën zijn alom aanwezig in mens, dier en milieu. Het opsporen van bronnen en transmissieroutes van antimicrobiële resistentie (AMR) vraagt dan ook om een interdisciplinaire aanpak. Een voorbeeld van een *One Health* samenwerking van experts uit de humane gezondheidszorg en gezondheidsonderzoek, diergeneeskunde en milieuwetenschappen om de humane blootstellings- en gezondheidsrisico's door mens, dier en milieu te kunnen onderzoeken en kwantificeren op het gebied van AMR is ESBLAT. Het ESBLAT consortium (ESBL-ATtributie) heeft onderzocht welke bijdrage dierlijke en milieu reservoirs leveren aan ESBL-dragerschap bij de mens. ESBLs, dat staat voor Extended-Spectrum Bèta-Lactamasen, zijn enzymen die door bacteriën worden geproduceerd, waardoor voor de mens en dier belangrijke antibiotica zoals penicillines en cefalosporines hun werking verliezen. In paragraaf 3.5 is meer informatie te vinden over het ESBLAT project.

Het *Network for Evaluation of One Health* (NEOH) wordt gefinancierd door de *Cooperation in Science and Technology* (COST), een Europees kader dat transnationale samenwerking tussen onderzoekers, ingenieurs en wetenschappers in Europa ondersteunt. NEOH streeft naar de ontwikkeling en toepassing van een wetenschappelijk gefundeerd evaluatieprotocol om toekomstige kwantitatieve evaluaties van *One Health*-activiteiten mogelijk te maken.¹⁶

Op Europees niveau heeft de EU de *One Health* benadering gepromoot en zelfs in zijn strategie geïntegreerd. Een recent voorbeeld van *One Health* onderzoek en integratieve activiteiten, die door de EU gesponsord is binnen het Europese subsidie raamwerk Horizon 2020, is het *One Health European Joint Program* (OH-EJP).¹⁷ Dit is een Europees netwerk van 43 medische en veterinaire onderzoeksinstituten uit 19 Europese landen, waaronder Nederland met het RIVM en WBVR als vertegenwoordigers. Dit betreft voornamelijk referentielaboratoria en rijksinstituten, die werken aan het bestrijden van zoönoses, antibioticaresistentie en opkomende bedreigingen, en aan het verbeteren en harmoniseren van gemeenschappelijke systemen en methoden. In overeenstemming met het concept '*Prevent-Detect-Respond*', beoogt het OH-EJP de samenwerking tussen de partnerinstellingen te versterken door interdisciplinaire samenwerking en integratie van activiteiten te stimuleren, door middel van specifieke *Joint Research Projects*, *Joint Integrative Projects* en door middel van onderwijs- en opleidingsactiviteiten. Het programma

Figuur 4.4 De vier strategische onderzoeksthema's van NCOH (Bron: ncoh.nl, met permissie)



omvat afstemming en harmonisatie met lopende EU-gefinancierde onderzoeksprojecten. Ook zijn er landelijk initiatieven opgezet, zoals in Zweden *One Health Sweden*, een samenwerkingsplatform voor verschillende universiteiten en overheidsorganisaties (Figuur 4.3). Het ondersteunt onderzoekers die geïnteresseerd zijn in zoönotische infecties, om met elkaar te interageren en synergiën te creëren.¹⁸

Box 8. One Health samenwerking– voorbeeld 7

Stel, er is een opvallende verhoging van het aantal patiënten met salmonellose, in verschillende Europese landen. Bij uitbraken van dit soort zoönotische infectieziekten is het belangrijk dat er betrouwbare en snelle typering beschikbaar is. Ook moet de gebruikte methode een zo hoog mogelijk onderscheidend vermogen hebben, zodat een goede casus-definitie kan worden opgesteld (welke patiënt hoort bij de uitbraak en welke niet) en eventuele isolaten uit voedsel of dieren met grote zekerheid aan de uitbraak kunnen worden gerelateerd. Deze bronopsporing is een goed voorbeeld van *One Health* samenwerking, op nationaal en internationaal niveau. Nieuwe technieken, zoals *Next-Generation-Sequencing* (NGS) zijn hier uitermate geschikt voor, omdat ze uniform zijn en de data gemakkelijk gedeeld kan worden. In paragraaf 4.4 wordt NGS en de toepassingen ervan verder toegelicht.

4.1.5 One Health in Nederland

Nederland is bijzonder actief in de nationale *One Health* arena. Een concreet voorbeeld is het *Netherlands Center for One Health* (NCOH)¹⁹ waar verschillende Nederlandse universiteiten, universitaire medische centra, onderzoeksinstituten, Nederlandse organisatie voor Wetenschappelijk Onderzoek (NWO) en Koninklijke Nederlandse Akademie van Wetenschappen (KNAW) samenwerken op verschillende complementaire gebieden (Figuur 4.4). NCOH streeft naar een geïntegreerde *One Health*-aanpak om infectieziekten te bestrijden en verbindt zich ertoe duurzame oplossingen te creëren door wereldwijd toonaangevend toponderzoek op het gebied van *One Health* in Nederland te bundelen.

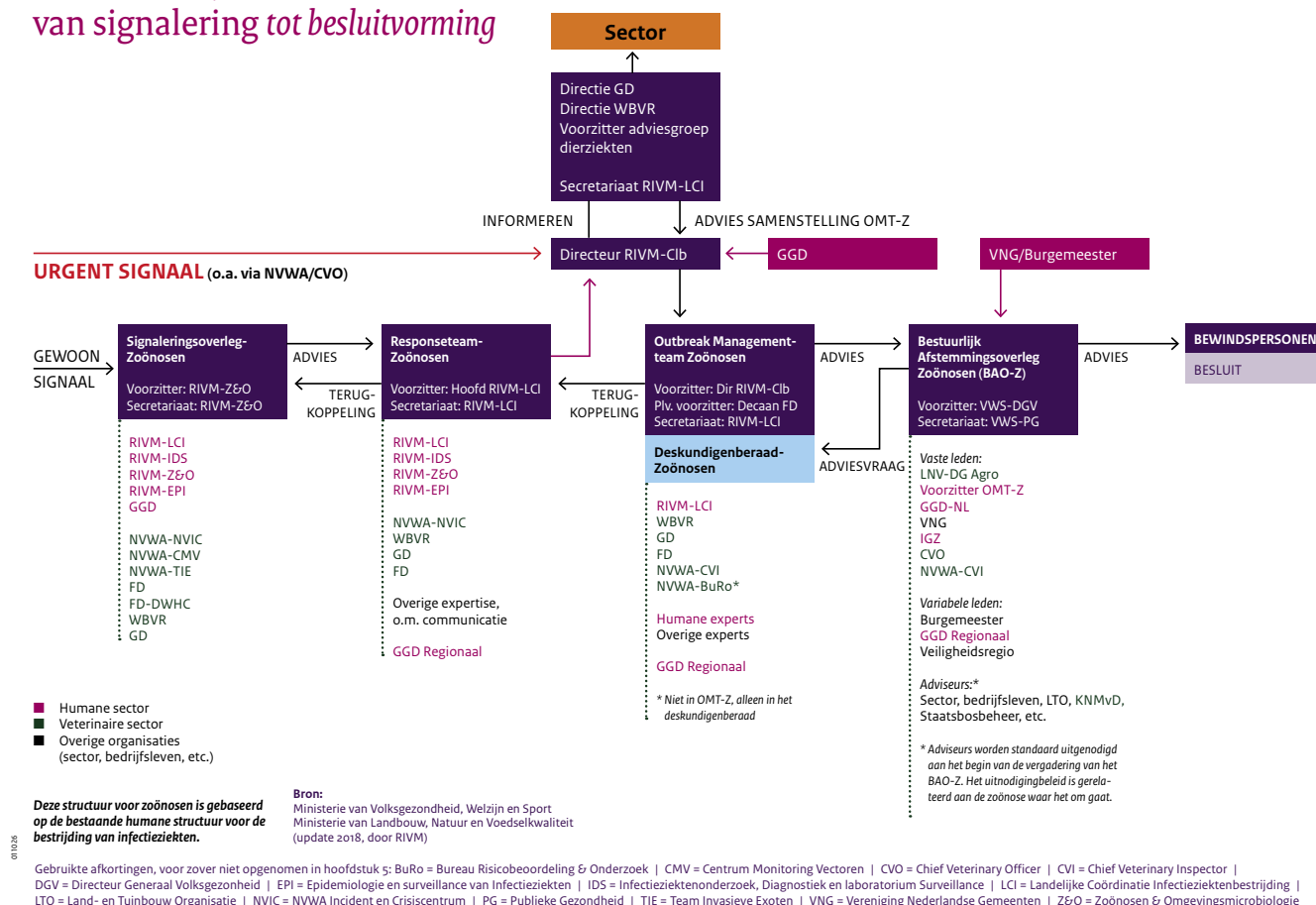
De omvangrijke uitbraak van Q-koorts in 2010 was aanleiding voor de oprichting van het Brabants Kennisnetwerk Zoönosen.²⁰ Het Kennisnetwerk bestaat uit huisartsen, GGD Hart voor Brabant/GGD Brabant Zuidoost, microbiologen, dierenartsen, veterinaire epidemiologen, bedrijfsartsen, afdeling Eerstelijns geneeskunde UMC St Radboud, de provincie Noord-Brabant en de Provinciale Raad Gezondheid. Het Kennisnetwerk is gericht op het beschermen en bevorderen van mens- en diergezondheid en op het informeren van burgers.

Door ZLTO is in 2014 een project gestart om het onderlinge contact en de samenwerking tussen huisarts en dierenarts te bevorderen. Dit project, wat begonnen is in Brabant, maar inmiddels is uitgebreid naar Zeeland en Limburg, heet SaMeDi (Samenwerking Medici en Dierenartsen).²¹ In dit netwerk worden op lokaal niveau huisartsen, dierenartsen en ZLTO-afdelingsbesturen met elkaar in gesprek gebracht. De ervaringen die in diverse netwerken wordt opgedaan, worden breed gedeeld, onder andere met dieren- en huisartsen. Het achterliggende idee is dat huisartsen en dierenartsen heel veel van elkaar kunnen leren en dit ook gunstig is voor boeren. Boerengezinnen hebben immers met beide medische domeinen te maken. Andere voorbeelden van *One Health* samenwerkingen zijn het Signaleringsoverleg Zoönosen (zie paragraaf 4.2) en de Werkgroep Intensieve Veehouderij (zie paragraaf 4.3).

Het belang van *One Health* wordt ook gepromoot in een onderwijscontext. Bijvoorbeeld, bij de Universiteit Utrecht is het nu mogelijk om een Master in *One Health* te behalen²² en Maastricht Universiteit biedt de Master *Global Health* aan.²³ Ook worden bij verschillende opleidingen *One Health* of zoönosen keuzevakken aangeboden. Echter, bij het opleiden van professionals in de gezondheidszorg, ongeacht het universitaire programma waarvoor studenten zijn ingeschreven, is het van fundamenteel belang te benadrukken waarom en hoe deze verschillende disciplines inherent met elkaar

Figuur 4.5 Schema van de zoönosenstructuur

ZOËNOSEN, van signalering tot besluitvorming



kunnen synergeren. Daarnaast is het essentieel voor het creëren van een breed maatschappelijk draagvlak en te zorgen voor optimaal begrip en uitwisseling van kennis, dat het *One Health* principe ook geïntegreerd wordt in niet-universitaire curricula.

4.2 De zoönosenstructuur in Nederland

Joke van der Giessen, Mauro De Rosa, Kitty Maassen, Mathilde Uiterwijk

4.2.1 Achtergrond

Voor niet-meldingsplichtige zoönosen bestond in tegenstelling tot de meldingsplichtige (zie paragraaf 2.2), geen wetgeving noch afspraken over wie welke acties moet ondernemen in de bronopsporing en eventuele bestrijding van deze ziekten. Zeker gezien de opkomende (*emerging*) infectieziekten, die veelal hun oorsprong in het dierreservoir hebben, is een adequate signalering en integratie tussen de veterinaire – en de humaan medische infectieziekten-domeinen noodzakelijk. Dat geldt zeker

voor een land als Nederland, waar zoveel dieren en mensen dicht bij elkaar wonen (zie paragraaf 2.1).

In 2008 werd binnen het onderzoeksprogramma, dat door het ministerie van LNV werd gefinancierd (EmZoo²⁴), een pilotproject opgezet waarbij experts van GD, RIVM, VWA, CVI (nu WBVR) en FD tweewekelijks bijeen kwamen om zoönotische signalen uit te wisselen. In deze pilot speelden het leren kennen en begrijpen van elkaars werelden een hele belangrijke rol, maar privacy kwesties bleken een belangrijk struikelblok om signalen openlijk te kunnen delen. Ook bleek er behoefte te zijn aan duidelijkheid over verantwoordelijkheden voor vervolgacties. Samen met de aanbevelingen uit de Q-koorts evaluatie (rapport Evaluatiecommissie van Dijk²⁵) heeft dit geleid tot het opzetten van een landelijke zoönosenstructuur voor signalering en bestrijding van zoönosen door de verantwoordelijke ministeries (LNV/EZ en VWS) in 2010-2011.^{26,27,28} Binnen deze humaan-veterinair geïntegreerde risicoanalyse-structuur vindt de eerste signalering van (opkomende) zoönosen plaats tijdens het Signaleringsoverleg

Zoönosen (SO-Z). Het SO-Z is vervolgens officieel voor het eerst bijeengekomen in juni 2011 en vormt de eerste schakel in deze zoönosenstructuur (Figuur 4.5).²⁹

4.2.2 Wat is en doet het SO-Z?

Maandelijks komt het SO-Z bijeen met de kerngroep, die bestaat uit vertegenwoordigers van RIVM, GGD, GD, WBVR, FD, DWHC en NVWA. In het SO-Z beoordelen deze experts regionale, landelijke en internationale signalen van (mogelijk) zoönotische aard die afkomstig kunnen zijn uit verschillende diersectoren en dierreservoirs. Er wordt beoordeeld of er naar aanleiding van de signalen vervolgacties noodzakelijk zijn. Indien nodig kunnen ook andere deskundigen of organisaties uitgenodigd worden. Indien nodig, wordt het signaal door de voorzitter doorgegeven aan een volgende schakel in de zoönosestructuur en kan besloten worden, afhankelijk van ernst of dreiging, voor een responsteam of deskundigenberaad zoönosen (Figuur 4.5). De beraadslagingen van het SO-Z zijn vertrouwelijk zodat een vrije discussie op basis van deskundigheid zoveel mogelijk bevorderd wordt.

Via de emailservice 'Maandelijks overzicht zoönosesignalen' worden vanuit het SO-Z relevante signalen opgesteld en rondgestuurd. Professionals die zich bezighouden met zoönosen, zoals dierenartsen, artsen, beleidsmedewerkers VWS en LNV, onderzoekers en studenten, kunnen zich hierop abonneren.³⁰ Daarnaast

is er ook de emailservice 'Vetinf@ct', die als doel heeft dierenartsen snel te voorzien van relevante informatie (Figuur 4.6). Deze berichten hebben betrekking op actuele ontwikkelingen of incidenten op het gebied van zoönosen, waarbij ook aandacht besteed wordt aan de handelingsmogelijkheden voor de dierenartsen in de praktijk situatie.³⁰

Sinds het ontstaan van het SO-Z zijn er 291 signalen (oktober 2018) verstuurd via het 'Maandelijks overzicht zoönosesignalen'.

Hieronder worden een paar opvallende signalen uit de afgelopen jaren en de aanpak binnen de zoönosestructuur besproken.

Seoul-virus

In november 2016 werd tijdens het SO-Z een patiënt uit het oosten van het land besproken die geïnfecteerd bleek te zijn met Seoul-virus (SEOV). SEOV, een orthohantavirus, is voor het eerst in Nederland aangetoond bij een paar wilde bruine ratten (*Rattus norvegicus*) in 2013 in het oosten van het land.¹ De patiënt had last van braken, diarree, lage rugpijn en algehele malaise. Bij aanvullende diagnostiek bleken zijn leverenzymwaarden verhoogd, maar waren er geen nierfunctiestoornissen en geen aanwijzingen voor pneumonie. Nadat leptospirosediagnostiek negatief bleek is serologie voor orthohantavirussen ingezet. Bij de patiënt werden hoge IgG- en IgM-waarden gevonden tegen virussen uit de Seoul-serogroep.

De patiënt was niet recent in het buitenland geweest, wel was er intensief contact met gehouden ratten. De man houdt namelijk thuis ratten als voer voor zijn reptielen.

De NVWA heeft vervolgens bronopsporing gedaan en een tiental ratten zijn voor onderzoek naar het RIVM gebracht, waarna orthohantavirus-PCR is verricht op long- en nierweefsel. Zes van de 10 ratten waren positief in de PCR voor SEOV en negatief in de PCR voor Dobrava- en Puumalavirus. Het bleek dat de ratten afkomstig waren van een rattenfokkerij, waar ratten gefokt werden als voer voor reptielen. De GGD heeft de NVWA verzocht om deze fokkerij nader te onderzoeken. Ratten van deze fokkerij werden positief bevonden op SEOV, waarvan de sequenties identiek waren aan die van de patiënt. Sequentieanalyse van twee van de PCR positieve rattenmonsters toonde aan dat ze vrijwel identiek waren aan eerder gevonden sequenties in huisdier-ratten (*pet rats*) in het Verenigd Koninkrijk. Vervolgens is een risk assessment opgesteld, waarin ook mogelijke vervolgstappen zijn geformuleerd. Uit de risk assessment bleek het risico voor de algemene bevolking zeer laag en matig voor risicogroepen (mensen die in contact komen met fokratten). Orthohantavirussen zoals SEOV zijn meldingsplichtig volgens de Wpg, maar niet

Figuur 4.6. Voorbeeld van een Vetinf@ct

Vetinf@ct
nieuws over zoönosen voor veterinairen
Editie 31 - Augustus 2017

Brucella suis-infectie bij hond na voeren van rauw vlees

Eind 2016 is in Nederland bij een hond een infectie met *Brucella suis* vastgesteld. De hond presenteerde zich met koortsklachten, vrij vocht in de buik en een epididymitis/orchitis, en is om deze laatste reden door de dierenarts gecastreerd. Purulent materiaal uit de bijbal werd voor bacteriologisch onderzoek naar het VMDC (Faculteit Diergeneeskunde) gestuurd. De kweek was positief voor *Brucella* sp., waarna de materialen voor confirmatie naar Wageningen Bioveterinary Research (WBVR, voormalige CVI) zijn gestuurd. Hier werd de diagnose bevestigd en de stam getypeerd als *B. suis* biovar 1. De hond werd na castratie initieel behandeld met antibiotica, maar vanwege een verdere achteruitgang in de gezondheidstoestand werd uiteindelijk besloten tot euthanasie.



Aangezien brucellose bij dieren (inclusief gezelschapsdieren) volgens de Regeling preventie, bestrijding en monitoring van besmettelijke dierziekten en zoönosen en TSE's aangifteplichtig is, is dit geval gemeld bij de NVWA. De NVWA is direct gestart met bronopsporing. De hond was geboren in Nederland, had geen contact met vee of wilde dieren en geen relevante buitenlandanamnese. Omdat uit de anamnese bleek dat de hond gevoerd werd met rauw vlees (o.a. hazenkoppen) is contact opgenomen met de leverancier van dit vlees. Bij de leverancier werd een partij hazendelen aangetroffen. De partij hazendelen was afkomstig uit Zuid-Amerika, een gebied waarvan bekend is dat *B. suis* biovar 1 voorkomt. Het bedrijf zelf heeft de betreffende partij geblokkeerd en monsters voor onderzoek aan de NVWA afgestaan. In deze partij is onlangs door WBVR *B. suis* biovar 1 aangetoond. De bacteriestammen uit het vlees en uit de hond zijn met elkaar vergeleken en zijn genetisch nauw verwant. Dit samen met de anamnese maakt het rauwe vlees als bron voor infectie bij de hond zeer waarschijnlijk.

volgens de Gwwd (zie paragraaf 2.2). Dit betekent dat de NVWA in geval van SEOV bij ratten geen handelingsperspectief heeft. Ook bleek uit de risk assessment een aantal lacunes in de kennis, zoals over het voorkomen van SEOV bij ratten (met name gehouden ratten), de algemene bevolking en risicogroepen, en omvang van de (inter)nationale handel in ratten.

In mei 2017 werden nog twee personen gediagnosticeerd met SEOV. Deze patiënten hadden ook contact gehad met ratten van een rattenfokkerij (niet dezelfde als de eerste casus). Kort op deze bevinding heeft opnieuw een overleg plaats gevonden, waarin onder andere afspraken over communicatie en uitbreiding van de diagnostische mogelijkheden humaan en veterinair besproken zijn. In juni 2017 werd een 4^e patiënt gemeld. Deze hield ratten als huisdier. Bij bronopsporing bleek één van de twee ratten SEOV positief.

Naar aanleiding hiervan is gevraagd om onderzoek te starten met als doel meer inzicht in het voorkomen van SEOV bij gehouden ratten en is besloten om een Deskundigenberaad zoönosen te organiseren. Dit Deskundigenberaad zoönosen heeft in oktober 2017 plaats gevonden. Tijdens dit beraad is door specialisten op het gebied van infectieziektebestrijding, medische en veterinaire microbiologie, infectiologie, bedrijfsgeneeskunde, veterinaire geneeskunde, pathologie en virologie de huidige stand van kennis over SEOV en de lacunes hierin evenals het gebrek aan handelingsperspectief voor de NVWA besproken. Naar aanleiding van het Deskundigenberaad zoönosen is een adviesbrief naar VWS en LNV gestuurd, met aanbevelingen over preventieve en bestrijdingsmaatregelen en uit te voeren onderzoeken.³¹ Op deze adviesbrief (en de adviesbrief voor brucellose, zie hieronder) is vervolgens door de minister voor Medische Zorg en Sport van VWS, mede namens de minister van LNV, een Kamerbrief opgesteld.³² De minister van VWS geeft hierin aan de onderzoeks-aanbevelingen over te nemen en schept duidelijkheid over het wettelijk kader waar binnen de NVWA maatregelen ten gunste van de volksgezondheid kan opleggen. 'Optreden tegen dieren die een volksgezondheidsrisico kunnen vormen, dient primair te geschieden op grond van de Gwwd. De Wpg fungeert in dezen enkel als vangnet, als de maatregelen niet of niet afdoende op grond van de Gwwd kunnen worden getroffen.'

Brucella canis

In december 2016 werd tijdens het SO-Z overleg een hond besproken die was gediagnosticeerd met *Brucella canis*. Het was voor het eerst dat deze bacterie werd gediagnosticeerd bij een hond in Nederland. De hond was in februari vanuit Roemenië naar Nederland gekomen en werd vanwege ernstige rugklachten onderzocht door een dierenarts. Nader onderzoek

toonde een discospondylitis aan. De hond testte serologisch negatief op *B. canis*. Bacteriologisch onderzoek van materiaal uit de tussenwervelschijf was positief voor *B. canis*, waarna bij WBVR de diagnose brucellose veroorzaakt door *B. canis* werd gesteld. De bron en transmissieroute waren niet bekend, maar heel waarschijnlijk is dat de infectie is opgelopen in Roemenië, aangezien *B. canis* in Nederland niet voorkomt, en in Zuidoost Europa wel. Brucellose is meldingsplichting volgens de Wpg en de Gwwd en daarnaast bestrijdingsplichtig volgens de Gwwd (zie paragraaf 2.2 en 2.7).

In januari en februari 2017 werden ook enkele andere honden positief getest voor *B. canis*, allen afkomstig uit Zuidoost-Europa.

Kort daarop heeft een overleg over het opstellen van een risk assessment plaatsgevonden. In de risk assessment is literatuur over onder andere het zoönotisch risico, risico voor de Nederlandse hondenpopulatie en betrouwbaarheid van diagnostische testen op een rij gezet. Ook werd tijdens het risk assessment overleg gesproken over dat er duidelijkheid moet komen over de precieze invulling van de bestrijdingsplicht bij positieve honden. Hoe zit het met de wettelijke handelingsmogelijkheden voor individueel gehouden dieren? Wat zijn de mogelijkheden voor de NVWA met betrekking tot de bestrijdingsplicht van *Brucella* bij honden? Kan ook bijvoorbeeld antibioticum therapie of castratie geadviseerd worden en is het mogelijk om dit te verplichten in verband met de bestrijdingsplicht? In maart 2017 stond de teller inmiddels op negen *B. canis* positieve honden, allen afkomstig uit Zuidoost-Europa. In april is door de directeur van het Clb de risk assessment met een begeleidende brief naar de CVO (Chief Veterinary Officer) van het ministerie van EC (nu LNV) gestuurd. Ook is er een Vetinf@ct opgesteld en rondgestuurd. In oktober 2017 is een Deskundigenberaad georganiseerd, waarbij *B. canis*, maar ook de *B. suis* casus (één besmette hond) is besproken.³³ Hierover is een Adviesbrief opgesteld voor de ministeries LNV en VWS, waarin de actuele situatie wordt beschreven (toen 13 *B. canis* positieve honden), de inschattingen van de risico's voor mensen en welke knelpunten zijn geconstateerd.³⁴ Belangrijke knelpunten zijn dat er weinig inzicht is in het aantal honden dat geïmporteerd wordt, of en hoe ze getest worden op brucellose en dat effectieve bestrijdingsmaatregelen bij honden ontbreken. Op deze adviesbrief (en de adviesbrief voor Seoul, zie hierboven) is vervolgens door de minister voor Medische Zorg en Sport van VWS, mede namens de minister van LNV, een Kamerbrief opgesteld.³² In de Kamerbrief worden aanbevelingen gedaan voor verbeteringen, onder andere de opdracht aan het RIVM om de informatievoorziening voor humane diagnostiek aan microbiologen en infectiologen te verbeteren en er wordt gemeld

dat de Chief Veterinary Officer (CVO) contact heeft opgenomen met haar collega's in Oost Europese landen, om zo introducties van brucellose bij honden in Nederland met medewerking van die landen proberen te voorkómen.

Samenvattend zijn er de afgelopen jaren veel initiatieven geweest om de humaan-veterinaire signalering van zoönosen te verbeteren. Dit heeft geresulteerd in een structuur in Nederland, die uniek is in de wereld en waarbij effectiever samengewerkt wordt om opduikende zoönosen sneller te kunnen signaleren en samen te bestrijden.

4.3 Werkgroep Intensieve Veehouderij

Martijn Stijntjes & Ashis Brahma

Box 9. De Landelijke Werkgroep Intensieve veehouderij- een voorbeeld

Een geitenhouder in één van de twaalf provincies in het land wil zijn bedrijf met melkgeiten uitbreiden van 500 naar 2000 dieren. Er is al een kinderdagverblijf op deze zorgboerderij. De dichtstbijzijnde woning ligt op 185 meter, en verder ligt er een dorpskern op 235 meter. De buurt en de burens maken zich zorgen over de schaalvergroting. De gemeente zoekt advies bij de lokale GGD. De lokale GGD zoekt onderbouwing voor haar advisering en raadpleegt de Landelijke Werkgroep Intensieve Veehouderij om te komen tot een goed afgewogen advies.

De landelijke werkgroep Intensieve Veehouderij en Gezondheid is sinds 2010 een discussie platform en klankbord voor ketenpartners, die werken op het gebied van beleid en advisering op de snijvlakken van gezondheid en veehouderij (Figuur 4.7). Met name sinds de Q-koorts uitbraak is er bij de GGD'en in Nederland een behoefte ontstaan om vanuit verschillende invalshoeken te kijken naar veehouderij en gezondheid. Deze werkgroep is een mooie illustratie hoe er trans-disciplinair (wetenschap, communicatie, infectieziektebestrijding, medische milieukunde, beleid en advies, veehouderij bedrijven, overheid en gemeentelijk bestuur) gekeken wordt naar de complexe werkelijkheid. Waar economische belangen en gezondheidsbelangen soms botsen en waar lokale gemeenten deze onmogelijke afweging moeten maken. Deze werkgroep adviseert lokale GGD'en bij de advisering, maar is ook een plek waar er landelijk op elkaar afgestemd wordt. Een voor alle partijen bijzonder leerrijke en praktische uitvoering van *One Health*. Met betrekking tot veehouderij en gezondheid, zijn er

Figuur 4.7 QR-code met informatie over de Werkgroep Intensieve Veehouderij



een aantal speerpunten waar de werkgroep zich op focust. Namelijk fijnstof, endotoxinen, ammoniak (wat in de hogere luchtlagen tot secundair fijnstof wordt gevormd) en geur (milieukundige thema's). Naast deze milieukundige zaken wordt er ook gesproken over zoönosen (infectieziekte thema's) zoals influenza en Q-koorts. Advisering rondom deze thema's richt zich voornamelijk op risicobeheersing. Daarnaast is het debat rondom veehouderij de laatste jaren bijzonder emotioneel geladen geraakt, zeker in bepaalde regio's van Nederland. Om die reden beperken de besproken onderwerpen in de werkgroep zich niet tot 'slechts' de rationele zaken, maar wordt ook aandacht besteed aan risicocommunicatie en -perceptie. In lijn met wat de Gezondheidsraad de laatste jaren bepleit, stimuleert de werkgroep in haar advisering een verlaging van de deken van fijnstof over Nederland, vergroting van afstanden tussen veehouderijen en woningen en het betrekken van omwonenden bij beslissingen met betrekking tot vergunningverlening.

In de loop der jaren zijn er met keten partners (RIVM, Kennis Platform Veehouderij en Humane Gezondheid³⁵) diverse workshops gegeven op symposia. Ook is er in 2016 een Handreiking Beoordelingskader Gezondheid en Milieu - Veehouderij verschenen en speelt de Werkgroep een rol bij het vertalen van de resultaten van het onderzoek 'Veehouderij en Gezondheid Omwonenden' 1 & 2 naar de praktische adviezen voor de GGD.^{36,37} Met de Omgevingswet en de bevindingen van minister Schouten die zij beschreven heeft in haar laatste visie in het achterhoofd is nut en noodzaak voor de Landelijke Werkgroep voor de komende jaren geborgd.³⁸ We werken toe naar een duurzame, circulaire landbouw, waar gezondheid van mens, dier én milieu centraal staat.

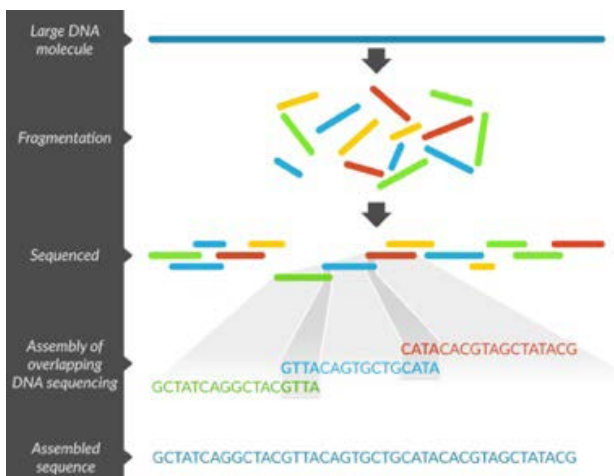
4.4 NGS in surveillance en onderzoek van (emerging) zoönosen

Eelco Franz & Lapo Mughini-Gras

4.4.1 Inleiding

In toenemende mate wordt gebruik gemaakt van Next Generation Sequencing (NGS), een verzamelnaam voor DNA sequencing technologieën, die ons in staat stellen om DNA en RNA veel sneller en goedkoper in kaart te brengen dan voorheen. Dit ligt met name in de methodiek waarbij het DNA wordt gefragmenteerd en vervolgens al deze fragmenten tegelijkertijd worden gesequenced ('*massively parallel sequencing*') (Figuur 4.8). Vandaar de benaming 'Next Generation'. NGS vormt in toenemende mate een belangrijke toevoeging van surveillance en onderzoek naar zoönotische ziekteverwekkers. Grofweg heeft NGS twee toepassingen: het sequencen van individuele micro-organismen, die meestal verkregen zijn na kweek (WGS, *Whole Genome Sequencing*) en het sequencen van al het DNA wat in een monster (bloed, feces, water enzovoorts) aanwezig is, na isolatie van het totale DNA (aangezien dit het DNA omvat van alle aanwezige micro-organismen wordt dit *metagenomics* genoemd). In deze paragraaf bespreken we

Figuur 4.8. Het principe van NGS. Het DNA wordt eerst gefragmenteerd in stukken (*reads*) van enkele tientallen tot honderdtallen baseparen (afhankelijk van de specifieke sequencing technologie). Vervolgens wordt van elk van deze fragmenten de base volgorde bepaald door de sequence machine. Dit kan, afhankelijk van het platform (Illumina, Roche etc.), op verschillende manieren gebeuren. Afhankelijk van de gekozen verdere bioinformatica analyse kunnen de reads, omdat ze overlappen, in de juiste volgorde aan elkaar worden gezet met specifieke software ('*assembly*'). (Bron: www.thermofisher.com)



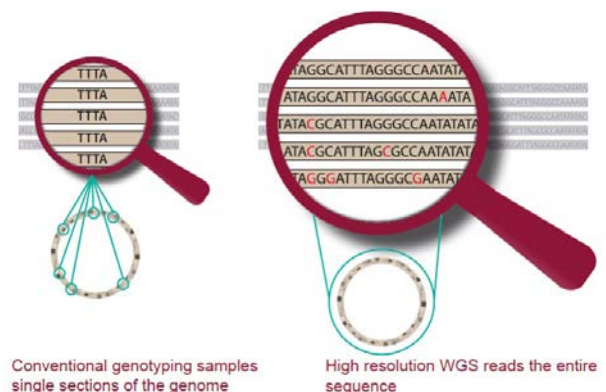
de mogelijkheden en beperkingen van het gebruik van beide toepassingen in surveillance en uitbraakonderzoek, evolutie en verspreiding, bron-attributie en risico analyse.

4.4.2 NGS in surveillance en uitbraakonderzoek

De WGS toepassing is de laatste jaren naar voren gekomen als een krachtig hulpmiddel voor surveillance en uitbraakonderzoek. De grote meerwaarde ligt met name in het feit dat WGS, in tegenstelling tot de klassieke moleculaire typeringstechnieken, het gehele genoom van een micro-organisme in kaart brengt (Figuur 4.9). Dit zorgt voor een uiterst hoog onderscheidend vermogen (resolutie) tussen isolaten. De huidige gouden standaard typeringsmethoden, waaronder PFGE (*Pulsed Field Gel Electrophoresis*), MLST (*Multi Locus Sequence Typing*) en MLVA (*Multi Locus Variable-number tandem repeat Analysis*), bieden vaak niet de benodigde resolutie om goed onderscheid te maken tussen isolaten. Dit is vooral relevant voor pathogenen waarvoor geen hoge resolutie subtypering methode beschikbaar is (bv. *Salmonella* serovars anders dan de veel voorkomende Enteritidis of Typhimurium) en voor pathogenen waarbij bepaalde MLST of MLVA typen vaak voorkomen (*Salmonella* Enteritidis en Typhimurium en Shigatoxine-producerende *E. coli* (STEC) O157). Routine surveillance met WGS biedt de mogelijkheid om de totale genetische diversiteit van een specifieke ziekteverwekker te beoordelen bij een hoge genetische resolutie. Bijkomend voordeel van WGS is dat zo goed als alle relevante informatie uit de data kan worden verkregen met de juiste bio-informatica tools. Dit omvat de traditionele gouden standaard typeringen zoals serotypering, MLST en MLVA, maar ook virulentiegenen en resistentiegenen.

De impact van het gebruik van WGS in surveillance uit zich in de identificatie van een hoger aantal (kleine en/of

Figuur 4.9. Klassieke moleculaire genotypering versus WGS (bron: PHE report³⁹).



diffuse) clusters die waarschijnlijk onopgemerkt zouden blijven met het exclusieve gebruik van de ‘traditionele’ subtyperings methoden. Wat betreft gastro-enterale infecties voert RIVM-Cib sinds begin 2017 routinematig WGS uit binnen de landelijke surveillance van STEC en *Listeria*. Daarnaast wordt WGS toegepast voor *Salmonella*, wanneer op basis van serotypering en MLVA een verheffing (verhoging in het voorkomen) wordt gedetecteerd. Om clusters binnen het gangbare aantal te kunnen detecteren, wordt per begin 2019 gestart met routine WGS voor *Salmonella* Enteritidis. Analyse van de WGS data van *Listeria*-patiënten leert dat bepaalde stammen gedurende meerdere jaren worden gezien. RIVM-Cib werkt door middel van een gemeenschappelijke WGS database samen met de NVWA om links te identificeren tussen terugkomende typen uit patiënten en voedsel. De hogere resolutie zorgt ook voor de mogelijkheid om scherpere case-definities te definiëren bij uitbraken. Een goed voorbeeld hiervan is de grote uitbraak van *Salmonella* Enteritidis geassocieerd met Poolse eieren in 2017.⁴⁰ Hierbij was sprake van meerdere MLVA-typen, die wat betreft geheel genoom nauwelijks van elkaar te onderscheiden waren. Zonder WGS zouden deze andere MLVA-typen (die wel een minderheid vormde in het totale aantal cases) over het hoofd zijn gezien. Uiteindelijk werden isolaten aangetoond in Poolse eieren en primaire productie monsters, die identiek waren aan de patiënt isolaten, waarmee de uitbraak opgelost was. Een ander voorbeeld waarbij WGS een doorslaggevende rol speelde was de uitbraak van *Salmonella* Bovismorbificans in rauwe ham.⁴¹ Door middel van WGS werd aangetoond dat de isolaten afkomstig van patiënten en uit het voedselproduct niet alleen wat betreft serotype overeenkwamen, maar ook wat betreft genoom. Hierdoor kon met grotere zekerheid de bron worden bevestigd.

In toenemende mate wordt ook geëxperimenteerd met *metagenomics* ten behoeve van surveillance. Met *metagenomics* wordt al het DNA (of RNA, of beide) van een monster gesequenced. Er moet wel, door specifieke voorbereiding van het monster en/of filteren van de sequenties achteraf, voor worden gezorgd dat men uiteindelijk alleen het genetische materiaal van micro-organismen (en niet van mens, plant en andere hogere organismen) in handen heeft. Door al deze sequenties te vergelijken met databases kan dan vervolgens gezocht worden naar specifieke doelen. Dit kunnen bijvoorbeeld resistentiegenen (‘resistoom’) of virulentiegenen (‘viruloom’) zijn, maar ook een totaal beeld van alle virussen die aanwezig zijn (‘viroom’). Een beperking van *metagenomics* is dat het nog relatief duur is. Dat ligt met name door het feit dat er met grote diepte gesequenced moet worden (elk stukje DNA moet vele keren gesequenced worden), omdat anders de detectielimiet

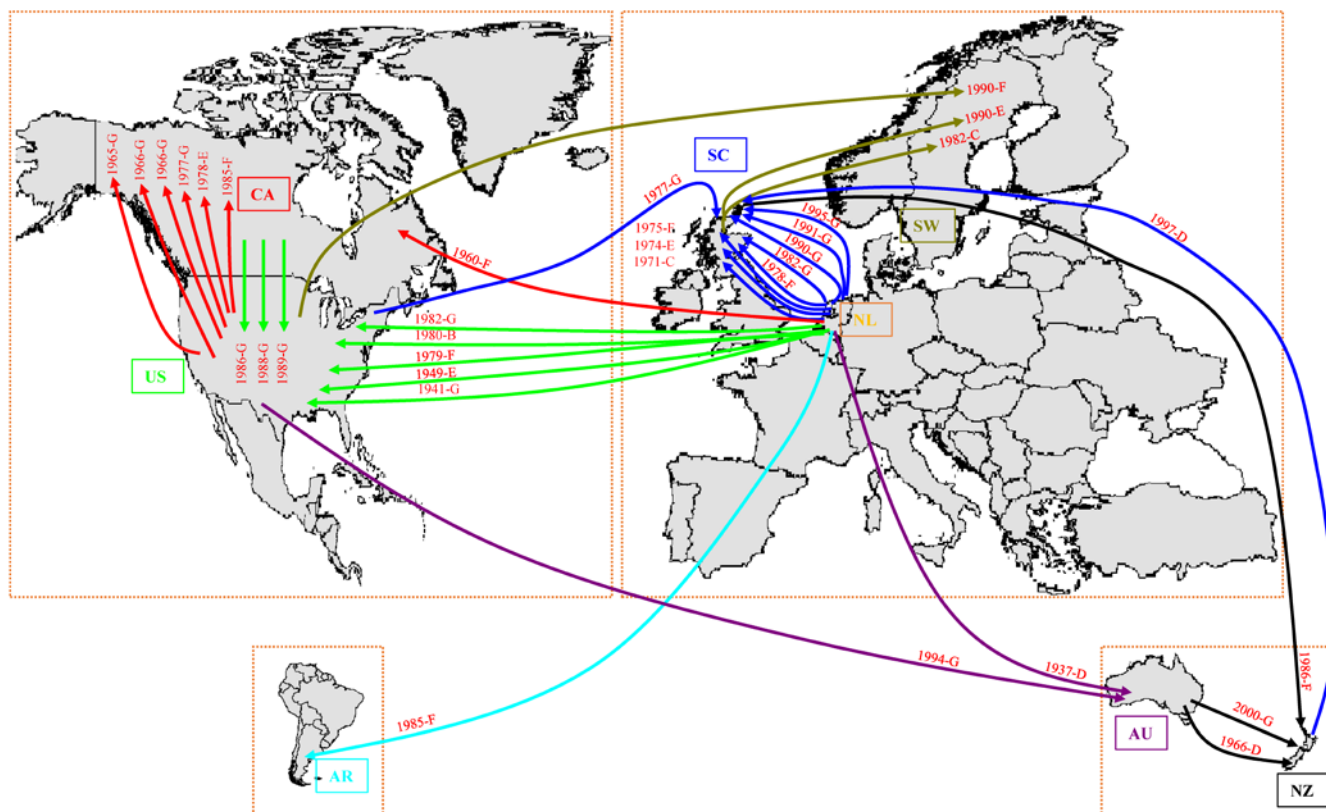
niet gehaald wordt. Daarnaast detecteert men (delen) van genen, maar is het erg lastig om deze in genomische context te plaatsen. De *reads* zijn namelijk te kort om te zien in welk organisme de genen liggen of om te zien welke resistentiegenen bij elkaar zitten in één organisme. De oplossing daarvoor is om te sequencen met zogenaamde “long-read technology” (zoals met Nanopore).⁴² Een voorbeeld van het gebruik van *metagenomics* ten behoeve van surveillance is de toepassing op rioolwater.⁴³ In Nederland is aangetoond dat men poliovirus kan detecteren in rioolwater tijdens een uitbraak. Dit opent de weg naar prospectieve *environmental* surveillance om uitbraken wellicht net voor te zijn door vroegtijdige detectie in rioolwater.⁴⁴

4.4.3 NGS in onderzoek naar evolutie en verspreiding van pathogenen

Een groeiend werkveld binnen de ‘*genomic epidemiology*’ is het reconstrueren van de verspreiding van pathogenen in tijd en ruimte, ook wel fyldynamica en/of fylogeografie genoemd. Het genetisch karakteriseren van micro-organismen (*genomics*) wordt langer gebruikt om transmissie en verspreiding van virale infectieziekten te bepalen. De meeste van deze studies waren retrospectief (terugkijkend), maar *real-time* toepassingen zijn recentelijk ontwikkeld voor Ebola⁴⁵ en Zika⁴⁶, zodat epidemieën in *real-time* (terwijl ze plaatsvinden) kunnen worden gevolgd. De fyldynamische modellen die hiervoor worden gebruikt, geven de mogelijkheid om de historie van ontstaan en verspreiding te reconstrueren en een reproductiegetal (R_0) te schatten. Dit kan weer zeer informatief zijn in het kader van bijvoorbeeld ‘*preparedness*’ planning. De meeste fyldynamische modellen zijn geïmplementeerd in een Bayesiaans raamwerk, waarmee schattingen kunnen worden gemaakt van de evolutie geschiedenis van een pathogeen⁴⁷. Een voorbeeld van zo’n model pakket is BEAST (*Bayesian Evolutionary Analysis Sampling Trees*).⁴⁸ Fyldynamica wordt nog relatief weinig toegepast op zoönotische bacteriële pathogenen, vanwege het grotere genoom en de bijbehorende complexiteit en rekenkracht die dat met zich meebrengt. Recentelijk echter heeft RIVM in samenwerking met internationale partners een reconstructie gemaakt van de mondiale verspreiding van STEC O157 (Figuur 4.10).⁴⁹

De analyse laat zien dat naar schatting 34 transmissie gebeurtenissen hoogstwaarschijnlijk hebben geleid tot de mondiale verspreiding van STEC O157. De eerste waren overwegend intercontinentaal van Europa naar Australië rond 1937 (1909-1958), naar de VS in 1941 (1921-1962), naar Canada in 1960 (1943-1979), en van Australië naar Nieuw-Zeeland in 1966 (1943-1982). Deze tijdstippen komen goed overeen met piekmomenten in intercontinentale rundvee-transporten en liggen over

Figuur 4.10. Phylogeografische reconstructie van de mondiale verspreiding van STEC O157. De pijlen geven 34 grote transmissie gebeurtenissen aan. De data zijn de mediaanwaarden van de BEAST analyse. De letters duiden de phylogenetische clades binnen STEC O157 aan. De kaart is gemaakt met SreapD3 en ArcMap 10.5 (Bron: Franz et al 2018⁴⁹).



het algemeen een paar decennia voordat de eerste humane gevallen werden gerapporteerd. Een duidelijke toename in humane gevallen vanaf 2000 in Australië komt ook mooi overeen met de voorspelde tweede transmissie golf naar Australië met een type dat de meer potente toxine Stx2a bevat.

Door het uniforme karakter van WGS data is deze geschikt om op grote schaal te delen voor regionale, nationale, maar vooral ook mondiale surveillance en 'early-warning'. Koppeling aan (andere) digitale databronnen (nieuws, sociale media, Google Trends, syndroom surveillance systemen enzovoorts) kan een digitaal surveillance systeem creëren, dat benut kan worden voor epidemiologisch onderzoek. Genomische surveillance data zou gekoppeld kunnen worden aan reeds bestaande internet-systemen zoals *Healthmap*⁵⁰, om inzicht te krijgen in verbanden en transmissie. Genomische data gekoppeld aan andere databronnen kan potentieel in *real-time* gedeeld worden in platforms zoals *Virological*⁵¹ en *Nextstrain*⁵² voor gecombineerde analyse en visualisatie. De bruikbaarheid neemt toe wanneer deze manier van werken gebeurt vanuit een *One Health* perspectief. De ontwikkelingen binnen de

genomic epidemiology betekenen een fundamentele revolutie in het datalandschap van de infectieziekten-epidemiologie, met een belangrijk potentieel voor volksgezondheid.

4.4.4 NGS in bron-attributie

Bron-attributie van zoönotische en voornamelijk door voedsel overgedragen ziekteverwekkers is cruciaal voor het identificeren, prioriteren en meten van (de impact van) voedselveiligheids-interventies, die gericht zijn op het bereiken van maximale vermindering van de humane ziektelast. Tot nu toe hebben benaderingen om de relatieve bijdrage van verschillende reservoirs aan de humane ziektelast te kwantificeren zich beperkt tot fenotypische (bijvoorbeeld serotypering of profilering van antimicrobiële resistentie) en klassieke genotypische subtyperingen (bijvoorbeeld MLST of MLVA). Gezien de bronspecificiteit van bepaalde subtypen en uitsluitend uitgaande van transmissie van bronnen naar mensen (en niet vice versa), kan de relatieve bijdrage van elke bron aan de humane incidentie worden afgeleid door het vergelijken van de subtype verdelingen onder humane en bron isolaten (zogenaamde *Dutch* en *Hald Model*). De komst van WGS voorziet ons van hoge resolutie

typeringsdata voor bronattributie. Dit vereist een manier om bron-associaties te definiëren per gen, mutaties of groepen van genen. Echter, dit is nog lastig om toe te passen in de huidige generatie van bronattributie modellen.

Onlangs is onderzocht hoe de superieure resolutie van WGS-gegevens de nauwkeurigheid kan verbeteren, waarmee specifieke *Campylobacter* typen kunnen worden toegeschreven aan specifieke dierlijke reservoirs.⁵³ De studie onthulde echter weinig of geen fylogenetisch signaal voor de associatie van de gastheer, waarmee in twijfel wordt getrokken of WGS bron attributie kan verbeteren. Aan de andere kant hebben studies met WGS van *Campylobacter* geleid tot het identificeren van genen die gastheer specifiek zijn.⁵⁴ Met behulp van WGS werd ook aangetoond dat STEC O157 isolaten uit verschillende landen meer van elkaar verschillen dan binnen een land tussen runderen en schapen.⁵⁵

4.4.5 NGS in risico analyse

Kwantitatieve microbiologische risicobeoordeling (in het Engels afgekort met QMRA) is een gestructureerd proces om de kans op ziekte kwantitatief te bepalen, als gevolg van blootstelling aan bepaalde pathogenen. Belangrijke componenten hierin zijn de afbakening van het pathogeen en transmissieroutes (*hazard identification*), het bepalen van de kans op en mate van blootstelling (*exposure assessment*), de dosis-response relatie (*hazard characterization*) en de uiteindelijke risicobepaling (*risk assessment*), wat een combinatie is van de laatste twee componenten. Over het algemeen schat QMRA een hoger risico, in termen van verwacht aantal zieken, ten opzichte van de epidemiologie.⁵⁷ De onderschatting aan de epidemiologische kant heeft grotendeels te maken met het gebrek aan cijfers omtrent het aantal zieken dat

geen contact zoekt met een arts (de onderkant van de surveillance piramide) (Figuur 4.11).

De overschatting van de QMRA is waarschijnlijk terug te voeren op een gebrek aan data met betrekking tot specifieke, beter aangepaste subpopulaties van het betreffende pathogeen, die uiteindelijk ziekte veroorzaken. Binnen pathogenen bestaan altijd subpopulaties die meer of minder virulent zijn, beter of slechter kunnen overleven in bepaalde omstandigheden enzovoorts. De uitdaging van QMRA is om deze diversiteit expliciet mee te nemen in de modellen. WGS en andere -omics technologieën (zoals genexpressie) kunnen hier potentieel een grote meerwaarde leveren, maar is nog grotendeels onontgonnen terrein. De integratie van WGS-gegevens in microbiële risicobeoordeling vereist een paradigmaverschuiving met betrekking tot het huidige risicobeoordelingskader. Deze verschuiving betreft de vertaling van een zeer grote hoeveelheid aan genotypische data (de sequentie en alle variabiliteit daarin) naar een fenotype (overleving, virulentie enzovoorts), en vervolgens naar een enkele schatting van het risico (aantal ziektegevallen). Om dit te bereiken kunnen zogenaamde *genome-wide association studies* (GWAS) gebruikt worden waarbij met behulp van statistische modellen genetische markers in het genoom kunnen worden geïdentificeerd, die geassocieerd zijn met een bepaald fenotype.⁵⁷ Dit kan in het bijzonder waardevol zijn in de *hazard identification* stap in de QMRA. In een case-studie waarbij de *in vitro* virulentie van STEC O157 door middel van GWAS is gekoppeld aan het genoom, bleken mutaties in een aantal genen sterk gecorreleerd met *in vitro* virulentie.⁵⁸ Soortgelijke studies zijn ook uitgevoerd met *Listeria* waarbij genetische varianten zijn geïdentificeerd die sterk correleren met de mate van persistentie in de productieomgeving. Wanneer de frequentie van deze varianten kan worden bepaald kan dit meegenomen worden in de QMRA, waardoor niet de gehele populatie pathogenen als even risicovol wordt beschouwd en wellicht de schattingen van het aantal ziektegevallen dichter bij de epidemiologische schattingen komen te liggen.

Figuur 4.11 Simpele surveillance piramide van infectieziekten. Van alle personen in de populatie die geïnfecteerd zijn met een bepaald pathogeen, zoekt een deel contact met de huisarts. Een deel daarvan belandt in het ziekenhuis. En een deel daarvan overlijdt. Voor elk pathogeen is de cijfermatige invulling van deze piramide anders.



4.5 Verstaan wij elkaar wel?

Titia Kortbeek, Bettie Voordouw, Mauro de Rosa, Marieta Braks, Rolf Nijssse, Mathilde Uiterwijk



Figuur 4.12. Een koppel.... (Bron: Beeldbank RIVM)



Figuur 4.13. Een koppel.... (Bron: Beeldbank RIVM)



Figuur 4.14. Kind met vlekjes door mazelen (Bron: beeldbank RIVM)



Bij de samenwerking op het gebied van openbare gezondheidszorg, en in het bijzonder binnen het *One Health* concept, is het belangrijk om elkaar letterlijk goed te verstaan. Het blijkt dat er bepaalde woorden of begrippen erg verschillend zijn in de humane en veterinaire gezondheidszorg, waardoor misinterpretaties en spraakverwarringen ontstaan.

Een paar voorbeelden:

Een koppel: als het over mensen gaat, betreft een koppel 2 mensen (meestal in romantische zin); als het over dieren gaat betekent het een 'groep van twee of meer' en kan het wel 10.000 dieren betreffen (Figuur 4.12 en 4.13).

Daarnaast zijn er verschillende termen voor het aanduiden van (grote) hoeveelheid dieren, die soms wel maar soms ook niet uitwisselbaar zijn: een kudde koeien, schapen of paarden, een meute jachthonden, een roedel herten, een toom kippen, een span paarden.⁵⁹

Tuberculose vrij: bij mensen wordt hiermee bedoeld dat er in een land geen tuberculose voorkomt; bij dieren dat er bij minder dan 0,2% van de bedrijven bovine tuberculose voorkomt. In landen waar er weinig bedrijven zijn, maar met veel dieren per bedrijf hebben de positieve dieren een andere impact op de status 'tuberculose vrij' dan in landen met veel kleine bedrijfjes met weinig dieren.

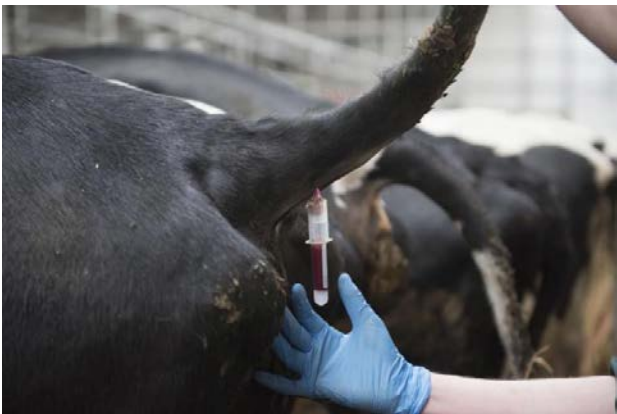
Vlek(jes)ziekte: in de humane gezondheidszorg wordt bij vlekjes of vlekjesziekten meestal virus infecties als bof, mazelen, rubella of parvo B19 bedoeld (Figuur 4.14).⁶⁰ In de veterinaire sector gaat het bij vlekziekte om een bacteriële infectie met *Erysipelothrix rhusiopathiae* (Figuur 4.15).⁶¹ Vlekziekte, ook wel erysipeloïd genoemd, kan bij mensen ook vlekziekte veroorzaken (huidontsteking gepaard gaande met vlekken), evenals griepachtige verschijnselen en gewrichtsontsteking, maar ook tot ernstige complicaties leiden. Het is in ieders belang als in de spreekkamer een eenduidige interpretatie van vlekziekte bestaat.

Cysticercose: humaan wordt met cysticercose een infectie met *Taenia solium*, ofwel *T. solium* cysticercose bedoeld, het cysten stadium van de varkenslintworm. Deze kan door cysten in de hersenen ernstige infecties (neurocysticercosis) bij de mens veroorzaken. Veterinair gaat het bij cysticercose meestal om *Cysticercus bovis* (= blaaswormstadium), waarvan *Taenia saginata* de verwekker is. Bij mensen veroorzaakt deze runderlintworm nauwelijks klachten, omdat deze bij mensen leidt tot een lintworm in de darmen en niet tot een blaasworm in de hersenen.⁶²

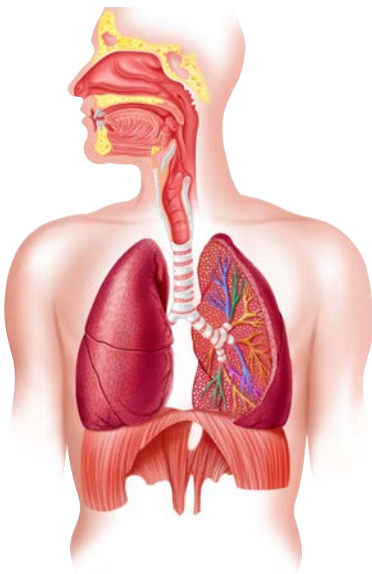
Figuur 4.15 Varken met vlekjes door *E. rhusiopathiae*
(Bron: msdvetmanual)



Figuur 4.16 Bloedtappen van een rund (Bron: veeteelt.nl)



Figuur 4.17 Respiratiesysteem van de mens
(Bron: www.fotoabonnement.nl)



Psittacose: veterinairen bedoelen met psittacose een infectie met *C. psittaci* (papegaaienziekte). Humaan wordt er mogelijk ook alleen *C. psittaci* bedoeld, maar omdat het onderscheid niet kan worden gemaakt met behulp van serologie of PCR vallen er onder psittacose veel meer zoönotische *Chlamydia* species zoals *C. caviae*, *C. abortus*, *C. felis* en *C. psittaci*, maar niet *C. trachomatis* en *C. pneumoniae* (zie paragraaf 2.15).

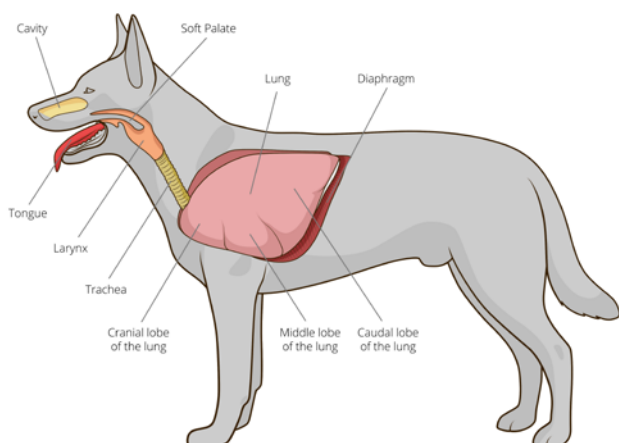
Ontsteking van de ruggenwervels: Discospondylitis is de veterinaire term voor spondylodiscitis. Dit komt bijvoorbeeld voor bij honden met *Brucella canis* infecties.³³

Meldingsplichtige ziekten: de humane gezondheidszorg kent alleen meldingsplichtige ziekten, hetgeen is vastgelegd in de Wpg. De veterinaire gezondheidszorg maakt binnen de meldingsplichtige ziekten onderscheid tussen alleen meldingsplichtig of bestrijdingsplichtig. Dit ligt vast in de Gwwd. Bestrijdingsplichtige ziekten zijn dierziekten die snel kunnen uitbreiden, ernstige schade kunnen geven aan de betrokken diersoort of de volksgezondheid, die niet kunnen worden voorkomen of bestreden met normale middelen of ernstige economische schade kunnen geven. De verwekkers van meldingsplichtige ziekten humaan en veterinair overlappen niet volledig waardoor het kan voorkomen dat humaan meldingsplichtige ziekten veterinair geen meldplicht kennen en andersom (zie paragraaf 2.2). Humane gevallen worden gemeld aan de GGD, de veterinaire gevallen aan de NVWA. Een aantal zeldzame zoönosen zoals apenpokken, Rift Valley Fever (Riftvalkoorts) en virale paarden encefalo-myelitis zijn veterinair zelfs bestrijdingsplichtig terwijl ze humaan niet eens meldingsplichtig zijn.

Er bestaan een aantal veterinaire termen die ook voor anderen duidelijk zijn zoals ruimen (*culling*), *stamping out* (doden van dieren) en uitval (sterftepercentage van dieren op een veehouderij). Sommige termen zijn minder bekend zoals swill (organisch afval) of BARF (afkorting van *Bones And Raw Flesh* of *Biologically Appropriate Food*⁶³). Bij boren denken waarschijnlijk niet veel mensen aan het nemen van swabs uit de cloaca van pluimvee.

Figuur 4.18 Respiratoirsysteem van een hond
(Bron: www.fotoabonnement.nl)

Respiratory System of the Dog



Figuur 4.19 Vers gevangen? (Bron: www.fotoabonnement.nl)



Daarnaast worden in de veterinaire sector termen gebruikt die voor de humane geneeskunde wat vreemd zijn, zoals een gunstig bedrijf – waarmee wordt bedoeld dat er op het bedrijf een bepaalde infectieziekte niet wordt gevonden – of een niet-positieve uitslag. Een veterinaire monster is niet van de dierenarts zelf, maar monsters (bloed, feces etc) die afgenomen zijn van dieren. Bloedtappen is de term voor het afnemen van bloed voor diagnostiek (Figuur 4.16).

De term eradiceren (vrijmaken) kan in de veterinaire sector slaan op het verwekkende agens, maar ook op de dierpopulatie. Abortus is voor dierenartsen een spontaan afgedreven vrucht, waarbij de mens niet heeft geholpen. En wat bedoelt een dierenarts nou met *voerste* luchtweginfecties? Dat moeten toch *bovenste* luchtweg infecties zijn.. (Figuur 4.17 en 4.18)

Er zijn meer specialisaties en vakgebieden waarmee (dieren)-artsen een taalbarrière moeten overwinnen. Een voorbeeld daarvan is de entomologie. Als een entomoloog praat over een competente vector, wordt bedoeld dat er bewijs is dat deze vector in het veld, of in een laboratorium setting in staat is om het pathogeen over te dragen. Zowel dierenartsen als humane artsen zullen bij competent denken aan bekwaam, deskundig of capabel of iets waar je goed in bent. Als het een vector betreft, zou dit dan het goed kunnen overdragen van het pathogeen kunnen zijn.

Een laatste voorbeeld van een verwarrende term komt uit de voedingsindustrie: de betekenis van het woord 'vers'. In gewone mensentaal is vers: nieuw, niet oud, nog niet gebruikt. Het is niet wettelijk vastgelegd wanneer een fabrikant een product 'vers' mag noemen en wanneer niet. Vis die in Nederland te koop wordt aangeboden als 'vers' is lang niet altijd vlak daarvoor gevangen (Figuur 4.19). Vis die eerder bevroren is geweest, kan op een later tijdstip ontdooid zijn en zo aan de consument verkocht worden.⁶⁴

In de voedselwereld betekent vers blijkbaar: op dit moment niet ingevroren.

Kortom, bij onze communicatie is het van belang ons ervan bewust te zijn dat we verschillende betekenissen kunnen hebben voor bepaalde termen. Het veel samen praten, naar elkaar luisteren en kritisch vragen blijven stellen is belangrijk om elkaars taal beter te begrijpen en te verstaan en zo hopelijk weer een stukje verder te komen in de infectieziekten bestrijding.

4.6 Geraadpleegde literatuur

1. Staat van Zoönosen 2016, H4 Thema Knaagdieren & Zoönosen https://www.rivm.nl/Onderwerpen/Z/Ziek_door_dier:Pf53FOIkT1K_YoCjhiaZwA/Staat_van_zo_nosen
2. Lerner H., Berg C. (2015) The concept of health in One Health and some practical implications for research and education: what is One Health? *Inf Eco & Epi* 5:25300.
3. Gibbs EP. (2014) The evolution of One Health: a decade of progress and challenges for the future. *Vet Rec* 174(4):85-91.
4. Gibbs E.P.J. (2005) Emerging zoonotic epidemics in the interconnected global community *Vet Rec* 157, 673-679
5. Institute for Positive Health <https://iph.nl/>
6. Groen en Blauw in de stad, RIVM Speerpunten http://www.strategischprogrammarivm.nl/RIVM_brede_themas/Healthy_Urban_Living/structuur_en_inrichting/groen_en_blauw
7. De stad als gezonde habitat, Raad voor de Leefomgeving en Infrastructuur <https://www.rli.nl/publicaties/2018/advies/de-stad-als-gezonde-habitat>
8. <http://www.onehealthinitiative.com/>
9. Grunspan D.Z., et al (2018) Core principles of evolutionary medicine: A Delphi study. *Evolution, medicine, and public health.* (1):13-23.
10. Rapport DJ, Costanza R, McMichael AJ. Assessing ecosystem health. *Trends in Ecology & Evolution.* 1998;13(10):397-402.
11. www.ecohealthalliance.org
12. Roger F., et al (2016) One Health and EcoHealth: the same wine in different bottles? *Inf. Ecol. Epidemiol.* 17:6
13. <http://nconehealthcollaborative.weebly.com/>
14. Manlove K.R., et al (2016) "One Health" or Three? Publication Silos Among the One Health Disciplines. *PLoS Biol.* 14(4)
15. <http://mvnassociation.org/medvetnet/index.php>
16. <http://neoh.onehealthglobal.net/>
17. <https://onehealthejp.eu/>
18. <http://www.onehealth.se/ohs/>
19. <https://ncoh.nl/>
20. <http://www.brabantse-agrofood2020.nl/actief+meedoen/groepen/Brabants+Kennisnetwerk+Zoonosen/default.aspx>
21. <https://www.zlto.nl/samedi>
22. <https://www.uu.nl/masters/en/one-health>
23. <https://www.maastrichtuniversity.nl/education/master/master-global-health>
24. EMZOO (EMerging ZOOonoses) rapport <https://www.rivm.nl/bibliotheek/rapporten/330214002.pdf>
25. rapport Evaluatiecommissie Q-koorts (2010) Van Verwerping tot verheffing http://stichtingquestion.nl/?page_id=94
26. Kamerstuk 28286 nr. 505, vergaderjaar 2010-2011 <https://zoek.officielebekendmakingen.nl/kst-28286-505.html>
27. Staat van Zoönosen 2010 https://www.rivm.nl/Onderwerpen/Z/Ziek_door_dier:Pf53FOIkT1K_YoCjhiaZwA/Staat_van_zo_nosen
28. Van der Giessen J., et al (2016) Het Signaleringsoverleg-Zoönosen viert haar vijfjarig jubileum, *TvD* (6) https://www.dwhc.nl/wp-content/uploads/2016/07/48_49_5jaar_TVDo616.pdf
29. Fanoy E., et al (2016) Het Signaleringsoverleg-Zoönosen viert haar vijfjarig jubileum, *Infectieziekten Bulletin* 27:7 https://www.rivm.nl/Documenten_en_publicaties/Algemeen_Actueel/Uitgaven/Infectieziekten_Bulletin/Jaargang_27_2016/September_2016 <https://www.onehealth.nl/over-one-health/zoonosenstructuur>
30. Signalerings- en responsdiensten infectieziekten <https://signalen.rivm.nl/>
31. Adviesbrief Seoulvirus <https://www.rijksoverheid.nl/documenten/brieven/2018/01/29/adviesbrief-deskundigenberaad-zoonosen-db-z-seoulvirus>
32. Kamerbrief met reactie op adviezen Seoul en brucellose <https://www.rijksoverheid.nl/documenten/kamerstukken/2018/06/05/kamerbrief-met-reactie-op-adviezen-brucellose-en-seoul>
33. Staat van Zoönosen 2016, H3 Uitgelicht https://www.rivm.nl/Onderwerpen/Z/Ziek_door_dier:Pf53FOIkT1K_YoCjhiaZwA/Staat_van_zo_nosen
34. Adviesbrief brucellose, inclusief Erratum <https://www.tweedekamer.nl/downloads/document?id=831cd8ab-a414-41be-985a-ab91bb8046f3&title=Begeleidende%20brief%20bij%20Adviesbrief%20DB-Z%20Brucellose%20met%20erratum.pdf>
35. <https://www.kennisplatformveehouderij.nl/>
36. Handreiking Beoordelingskader Gezondheid en Milieu – veehouderij, RIVM briefrapport 2016-0013 <https://www.rivm.nl/bibliotheek/rapporten/2016-0013.pdf>
37. https://www.rivm.nl/Onderwerpen/V/Veehouderij_en_gezondheid/Onderzoek_veehouderij_en_gezondheid_omwonenden_VGO
38. Visie Landbouw, Natuur en Voedsel: Waardevol en Verbonden <https://www.rijksoverheid.nl/ministeries/ministerie-van-landbouw-natuur-en-voedselkwaliteit/documenten/beleidsnota-s/2018/09/08/visie-landbouw-natuur-en-voedsel-waardevol-en-verbonden>

39. PHE report Implementing pathogen genomics, a case study. Publications gateway number 2018254 <https://www.gov.uk/government/publications/implementing-pathogen-genomics-a-case-study>
40. Pijnacker R., et al (2017) Bronopsporing bij een langdurige internationale uitbraak van *Salmonella* Enteritidis, Infectieziekten Bulletin https://www.rivm.nl/Documenten_en_publicaties/Algemeen_Actueel/Uitgaven/Infectieziekten_Bulletin/Jaargang_28_2017/Juni_2017/Download/Infectieziekten_Bulletin_jaargang_28_nummer_6_juni_2017.pdf
41. Brandwagt D., et al (2018) Outbreak of *Salmonella* Bovismorbificans associated with the consumption of uncooked ham products, the Netherlands, 2016 to 2017, Eurosurveillance 23(1) <https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.1.17-00335>
42. van der Helm E., et al (2017) Rapid resistome mapping using nanopore sequencing. Nucl. Ac. Res. 45:8
43. Fernandez-Cassi X., et al (2018) Metagenomics for the study of viruses in urban sewage as a tool for public health surveillance. Sc. Tot. Env.
44. Benschop K.S.M., et al (2017) Polio and measles down the drain: Environmental Enterovirus Surveillance in the Netherlands, 2005-2015. Appl. Env. Microb. 83:13
45. Holmes E. C., et al (2016) The evolution of Ebola virus: Insights from the 2013-2016 epidemic. Nature 538:7624
46. Thézé J., et al (2018) Genomic Epidemiology Reconstructs the Introduction and Spread of Zika Virus in Central America and Mexico. Cell Host Microbe 23:6
47. Baele G., et al (2018) Recent advances in computational phylodynamics. Curr. Opinion Vir. 31
48. Bouckaert R., et al (2014) BEAST 2: A Software Platform for Bayesian Evolutionary Analysis. PLOS Comp. Biol. 10
49. Franz E., et al (2018) Phylogeographic analysis reveals multiple international transmission events have driven the global emergence of *Escherichia coli* O157:H7. Clin. Inf. Dis. <https://doi.org/10.1093/cid/ciy919>
50. www.healthmap.org
51. www.virological.org
52. www.nextstrain.org
53. Dearlove B., et al (2015). Rapid host switching in generalist *Campylobacter* strains erodes the signal for tracing human infections. ISME Journal 10721-729
54. Sheppard S.K., et al (2013a) Genome-wide association study identifies vitamin B5 biosynthesis as a host specificity factor in *Campylobacter*. Proc Natl Acad Sci 110
55. Strachan N.J.C., et al (2015) Whole Genome Sequencing demonstrates that Geographic Variation of *Escherichia coli* O157 Genotypes Dominates Host Association. Sc. Rep. 5:14145
56. Evers E.G. and Bouwknegt M. (2016) Combining QMRA and Epidemiology to Estimate Campylobacteriosis Incidence. Risk Analysis 36:10
57. Falush D. and Bowden R. (2006) Genome-wide association mapping in bacteria? Trends Microbiol 14
58. Pielaat A., et al (2015) First step in using molecular data for microbial food safety risk assessment; hazard identification of *Escherichia coli* O157:H7 by coupling genomic data with in vitro adherence to human epithelial cells. Int. J. Food. Microbiol. 213
59. <https://mvrisekoop.wordpress.com/2012/02/09/een-roedel-wolven-maar-een-ganzen/>
60. Opstelten W., et al (2011) Kinderziekten met vlekken Ned Tijdschr Geneesk 155:A3671 <https://www.ntvg.nl/system/files/publications/a3671.pdf>
61. <https://www.gddiergezondheid.nl/diergezondheid/dierziekten/vlekziekte>
62. https://www.rivm.nl/Onderwerpen/T/Taeniose_Cysticercose/Besmetting
63. Staat van Zoönosen 2015, paragraaf 3.3 https://www.rivm.nl/Onderwerpen/Z/Ziek_door_dier:Pf53FOIkT1K_YoCjhiaZwA/Staat_van_zo_nosen
64. Voedingscentrum <https://www.voedingscentrum.nl/service/vraag-en-antwoord/eten-kopen-en-keurmerken/betekent-vers-dat-een-product-kort-tevoren-is-gemaakt.aspx>

5

Gebruikte afkortingen

AMC	Academisch Medisch Centrum https://www.amc.nl/web/Research.htm	EFSA	European Food Safety Authority http://www.efsa.europa.eu
BIP	Buitengrens Inspectie Post https://www.nvwa.nl/onderwerpen/import-van-dieren-en-producten-van-dierlijke-oorsprong/erkende-buitengrens-inspectie-post-bip	ELISA	Enzyme Linked Immuno Sorbent Assay, test voor aantonen antilichamen (serologie) of antigeen
CBS	Centraal Bureau voor de Statistiek http://www.cbs.nl	EPIS	Epidemic Intelligence information System, besloten informatiesysteem van ECDC https://epis.ecdc.europa.eu/
cfu	zie kve	Erasmus MC	Erasmus Medisch Centrum Rotterdam http://www.erasmusmc.nl/
COI	Cost of Illness, zie voor verdere uitleg https://www.volksgezondheidenzorg.info/cost-of-illness	ESBL	Extended Spectrum Bèta Lactamase, bepaalde vorm van antibioticum resistentie
CVI	Centraal Veterinair Instituut, zie WBVR	EU	Europese Unie https://europa.eu/european-union/index_nl
DALY	Disability Adjusted Life Years zie voor verdere uitleg https://www.volksgezondheidenzorg.info/definitie-en-methode-ziekteelastberekening	EZ	Ministerie van Economische Zaken, o.a. landbouw https://www.rijksoverheid.nl/ministeries/ministerie-van-economische-zaken
DWHC	Dutch Wildlife Health Centre http://www.dwhc.nl	FAO	Food and Agriculture Organisation
ECDC	European Centre for Disease prevention and Control http://ecdc.europa.eu/en/Pages/home.aspx	FD	Faculteit Diergeneeskunde, Utrecht http://www.uu.nl/organisatie/faculteit-diergeneeskunde

GD	Gezondheidsdienst voor Dieren in Deventer http://www.gddiergezondheid.nl	MML	Medisch Microbiologisch Laboratorium http://www.geldersevallei.nl/afdelingen/64/medisch-microbiologisch-laboratorium
GGD	Gemeentelijke Gezondheidsdienst http://www.ggd.nl/	NCvB	Nederlands Centrum voor Beroepsziekten http://www.beroepsziekten.nl/ncvb
Gwwd	Gezondheids- en Welzijns Wet voor Dieren http://wetten.overheid.nl/BWBR0005662/2015-01-01	NEPLUVI	Nederlandse vereniging Pluimveeverwerkende Industrie http://www.nepluvi.nl/
IFA/IFT	Immuno Fluorescence Assay/Test, test om antilichamen (IFA/IFT) of antigenen (directe IFA/IFT) aan te tonen	NRL	Nationaal Referentie Laboratorium Leptospirose, onderdeel van AMC/KIT https://www.kit.nl/biomedical-research/leptospirosis-reference-centre/
IGJ	Inspectie voor de Gezondheidszorg en Jeugd https://www.igj.nl/	NRL-P	Nationaal Referentie Laboratorium Parasieten, onderdeel van het RIVM
IRAS	Institute for Risk Assessment Sciences, onderdeel van FD en fac. Geneeskunde https://www.uu.nl/organisatie/faculteit-diergeneeskunde/over-de-faculteit/departementen/iras	NTR	Nederlands Tuberculose Register, applicatie van Osiris http://www.rivm.nl/Onderwerpen/T/Tuberculose/Surveillance
ISIS	Infectieziekte Surveillance Informatie Systeem van RIVM	NVWA	Nederlandse Voedsel en Waren Autoriteit https://www.nvwa.nl/
KIT	Koninklijk Instituut voor de Tropen http://www.kit.nl/ , sinds kort onderdeel van het AMC	OIE	World Organisation for Animal Health, voorheen Office International des Epizooties http://www.oie.int/
KNCV	Koninklijke Nederlandse Centrale Vereniging voor tuberculosebestrijding https://www.kncvtbc.org/	Osiris	Online Systeem voor Infectieziekten Registratie binnen ISIS, http://www.rivm.nl/Onderwerpen/S/Surveillance_van_infectieziekten/Meldingsplichtige_infectieziekten
KNMvD	Koninklijke Nederlandse Maatschappij voor Diergeneeskunde https://www.knmvd.nl/	PCR	Polymerase Chain Reaction, test voor het aantonen van genetisch materiaal http://www.microbiologie.info/pcr.html
kve	kolonie vormende eenheden; kiemgetal; Engels: <i>colony forming units</i> (cfu). Maat voor het aantal levende micro-organismen per milliliter of per gram http://www.microbiologie.info/kiemgetal.html	PVE	Productschappen Vee, Vlees en Eieren. Per 1 januari 2015 opgeheven http://www.pve.nl/
LAT	Latex Agglutinatie Test, voor serologische diagnostiek	Radboudumc	Radboud Universitair Medisch Centrum Nijmegen https://www.radboudumc.nl
LNv	Ministerie van Landbouw, Natuur en Voedselkwaliteit https://www.rijksoverheid.nl/ministeries/ministerie-van-landbouw-natuur-en-voedselkwaliteit	RIVM	Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu http://www.rivm.nl/
LUMC	Leids Universitair Medisch Centrum https://www.lumc.nl/	RIVM-CIB	Centrum Infectieziekten bestrijding, onderdeel van RIVM http://www.rivm.nl/RIVM/Organisatie/Centra/Centrum_Infectieziektebestrijding
MARAN	Monitoring of Antimicrobial Resistance and Antibiotic usage in Animals in the Netherlands http://www.wur.nl/nl/Expertises-Dienstverlening/Onderzoeksinstituten/Biovetinary-Research/Publicaties/MARAN-Rapporten.htm	RLBM	Nederlands Referentie Laboratorium Bacteriële Meningitis https://www.amc.nl/web/Het-AMC/Afdelingen/Medische-afdelingen/Medische-Microbiologie/Medische-Microbiologie/Onderafdelingen/Het-Nederlands-Referentielaboratorium-voor-Bacteriele-Meningitis.htm
MAT	Microscopische Agglutinatie Test, een test voor het aantonen van antilichamen	RVO	Rijksdienst voor Ondernemend Nederland, valt onder ministerie van EZ
MLVA	Multiple Locus Variable number tandem repeat Analysis, zie voor verdere uitleg http://www.mlva.net/	TRL	Tuberculose Referentie Laboratorium, onderdeel van het RIVM

UBN	Uniek Bedrijfsnummer http://www.rvo.nl/onderwerpen/agrarisch-ondernemen/dieren-houden/dieren-registreren
UMC Utrecht	Universitair Medisch Centrum Utrecht https://www.umcutrecht.nl/nl/
VMDC	Veterinair Microbiologisch Diagnostisch Centrum, onderdeel van FD http://www.uu.nl/onderzoek/veterinair-microbiologisch-diagnostisch-centrum
VO (EG)	Verordening(en) van de Europese Gemeenschap, bevatten regels die direct gelden in alle lidstaten van de Europese Unie
VPDC	Veterinair Pathologisch Diagnostisch Centrum, onderdeel van FD https://www.uu.nl/onderzoek/veterinair-pathologisch-diagnostisch-centrum
VWA	Voedsel- en Waren Autoriteit (tot 2012), zie NVWA
VWS	Ministerie van Volksgezondheid, Welzijn en Sport https://www.rijksoverheid.nl/ministeries/ministerie-van-volksgezondheid-welzijn-en-sport
WAHIS	World Animal Health Information System, besloten informatie systeem van OIE http://www.oie.int/wahis_2/public/index.php/home
WBVR	Wageningen Bioveterinary Research (voorheen CVI) http://www.wur.nl/nl/Expertises-Dienstverlening/Onderzoeksinstituten/Bioveterinary-Research.htm
WBVR-NRL	Nationaal Referentie Laboratorium voor dierziekten, onderdeel van WBVR http://www.wur.nl/nl/Expertises-Dienstverlening/Onderzoeksinstituten/Bioveterinary-Research/diagnostiek.htm
WGS	Whole Genome Sequencing. Voor meer informatie, zie https://www.ntvg.nl/artikelen/%E2%80%99whole-genome-sequencing%E2%80%99volledig
WHO	World Health Organisation http://www.who.int/en/
Wpg	Wet Publieke Gezondheid http://wetten.overheid.nl/BWBR0024705/2016-08-01
YOPIs	Young, Old, Pregnant, Immune incompetent. Nederlands: Jong, Oud, Zwanger, Immuundeficiënt (JOZIs). Dit zijn kwetsbare personen, die eerder een infectie oplopen en wie bij de gevolgen vaak ernstiger zijn
ZLTO	Zuidelijke land- en tuinbouworganisatie https://www.zlto.nl/home
ZonMW	Nederlandse organisatie voor gezondheidsonderzoek en zorginnovatie http://www.zonmw.nl/nl/

RIVM Rapport 2018-0112

Dit is een uitgave van:



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



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

Postbus 1 | 3720 BA Bilthoven
www.rivm.nl

november 2018

De zorg voor morgen begint vandaag