

13 Microbiologische voedselveiligheid

Inhoud

| | | |
|-------------|---|------------|
| 13 | Microbiologische voedselveiligheid | 1 |
| 13.1 | Inleiding | 3 |
| 13.2 | Aanpak | 3 |
| | 13.2.1 Risicobeoordelingssystematiek | 3 |
| | 13.2.2 Toelichting bij de risicobeoordeling | 4 |
| 13.3 | Gevareninventarisatie | 5 |
| 13.4 | Gevarenkarakterisatie, blootstellingsschatting en risicokarakterisatie | 5 |
| | 13.4.1 Campylobacter spp. | 7 |
| | 13.4.2 Listeria monocytogenes | 16 |
| | 13.4.3 Salmonella | 27 |
| | 13.4.4 Pathogene E. coli (STEC) | 41 |
| | 13.4.5 Yersinia enterocolitica | 52 |
| | 13.4.6 Hepatitis E-virus | 60 |
| | 13.4.7 Toxoplasma gondii | 73 |
| | 13.4.8 Emerging pathogens | 84 |
| 13.5 | Referenties | 93 |
| 13.6 | Annex | 122 |
| | 13.6.1 Gevareninventarisatie | 122 |
| | 13.6.2 Gevarenkarakterisatie | 127 |
| | 13.6.3 Blootstellingsschatting | 128 |
| | 13.6.4 Wetgeving | 146 |
| | 13.6.5 Import | 148 |
| | 13.6.6 Bronverantwoording | 150 |
| | 13.6.7 Lijsten van afkortingen | 151 |

13.1 Inleiding

Micro-organismen komen nagenoeg overal voor en het aantal soorten micro-organismen waarmee mensen in aanraking komen is enorm. Ook in voedsel komen (soms veel) micro-organismen voor; micro-organismen zijn zelfs nodig om bepaalde soorten levensmiddelen te produceren (brood, bier, droge worst, zuurkool). De meeste soorten micro-organismen zijn niet schadelijk voor de gezondheid van mens of dier. Er is echter een beperkte groep micro-organismen die in staat is ziekte bij de mens te veroorzaken. Deze laatste groep, ook wel pathogene micro-organismen genoemd, wordt beschouwd als microbiologisch gevaar.

Onder biologische gevaren van een levensmiddel worden ziekteverwekkende micro-organismen (pathogenen) en antibioticaresistentie van micro-organismen verstaan die via levensmiddelen op de mens kunnen worden overgedragen. Voor deze risicobeoordeling wordt gebruik gemaakt van de term micro-organismen zoals die in de Verordening microbiologische criteria (VMC; Vo. (EG) nr. 2073/2005) is vastgelegd. Hieronder vallen bacteriën, virussen, prionen, gisten, schimmels, algen, parasitaire protozoa en microscopische parasitaire helminthen, alsmede toxines en metabolieten van deze organismen. De schimmeltoxines (mycotoxines) worden behandeld bij de chemische risicobeoordeling (zie hoofdstuk 15). Antibioticaresistentie komt aan bod in hoofdstuk 14.

In de hier beschreven onderbouwing met betrekking tot de microbiologische risico's voor de voedselveiligheid vanuit de roodvlees- en grofwildketen wordt nagegaan welke pathogene micro-organismen vanuit de roodvlees- en grofwildketen bij de mens terecht kunnen komen en een risico vormen voor de volksgezondheid in Nederland. Hierbij is alleen de alimentaire route in beschouwing genomen.

Deze risicobeoordeling bouwt wat betreft de roodvleesketen voort op de eerder door BuRO uitgevoerde risicobeoordeling van de roodvleesketen (BuRO, 2015). In deze onderhavige risicobeoordeling wordt nagegaan of de situatie sindsdien is veranderd en of er nieuwe inzichten of ontwikkelingen zijn die invloed (zullen) hebben op het microbiologisch risico vanuit deze keten. Indien relevant zullen onderwerpen die destijds minder aan bod zijn gekomen, uitgebreider worden onderbouwd.

13.2 Aanpak

13.2.1 Risicobeoordelingssystematiek

Bij het beoordelen van het risico voor de volksgezondheid/voedselveiligheid van de verschillende microbiologische gevaren volgt BuRO de vier stappen van de risicobeoordeling zoals vastgelegd in de Algemene Levensmiddelenverordening (ALV; Verordening (EG) nr. 178/2002) en de Codex Alimentarius (FAO & WHO, 2019):

1. Gevareninventarisatie: de inventarisatie van de micro-organismen die via de keten (alimentaire route) bij de mens terecht kunnen komen en ziekte bij de mens kunnen veroorzaken (pathogenen);
2. Gevarenkarakterisatie: de inschatting van het effect (de ernst) van deze micro-organismen op de gezondheid van de mens en de relevante karakteristieken van de micro-organismen met het oog op overleven/uitgroeien in de keten;
3. Blootstelling: de inschatting van blootstelling (de kans) dat de micro-organismen via de keten ziekte veroorzaken bij mensen in Nederland;
4. Risicokarakterisatie: de inschatting van het risico (kans x effect) voor de volksgezondheid in Nederland dat wordt veroorzaakt consumptie van levensmiddelen die besmet zijn met micro-organismen afkomstig uit de keten (conclusie van de risicobeoordeling).

13.2.2 Toelichting bij de risicobeoordeling

13.2.2.1 Databronnen

Bij het uitvoeren van deze risicobeoordeling is gebruikt gemaakt van diverse bronnen. Naast de eerder genoemde Risicobeoordeling roodvleesketen uitgebracht door BuRO in 2015 (BuRO, 2015) en eerdere ketenrisicobeoordelingen en adviezen door BuRO (2012;2017b;2019b;2019a;2020), is gebruik gemaakt van de jaarlijkse rapportage over ziekteelastschattingen in Nederland van het RIVM (Lagerweij et al., 2020), de rapportage over voedselgerelateerde uitbraken in Nederland door het RIVM (Friesema et al., 2019a) en de Staat van Zoönosen van het RIVM (Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu) (Vlaanderen et al., 2020). Gegevens over het vóórkomen van pathogenen in de roodvlees- en grofwildketen in Nederland afkomstig van de NVWA (monsters geanalyseerd door WFSR (Wageningen Food Safety Research), WBVR (Wageningen Bioveterinary Research), GD (Koninklijke Gezondheidsdienst voor Dieren), DWHC (Dutch Wildlife Health Centre) en VMDC (Veterinair Microbiologisch Diagnostisch Centrum) zijn aangevuld met rapportages van het RIVM over surveillance van zoönosen bij landbouwhuisdieren (uitgevoerd in opdracht van en i.s.m. NVWA: varken (Zomer et al., 2014), melkvee (Cuperus et al., 2022), vleesvee (Cuperus et al., 2019), melkgeiten en -schapen (Opsteegh et al., 2018)). Daarnaast zijn de data van andere EU-lidstaten die jaarlijks aan EFSA worden gerapporteerd gebruikt. Dit betreft gegevens over het vóórkomen van pathogenen bij dieren en in levensmiddelen evenals gerapporteerde uitbraken veroorzaakt door consumptie van roodvlees en wild. Van de gemelde uitbraken bij EFSA zijn alleen gegevens over 'strong evidence'-uitbraken in beschouwing genomen. 'Strong evidence' uitbraken zijn uitbraken waarbij de associatie tussen de pathogeen, het voedsel en de patiënt is gelegd op basis van epidemiologie en/of microbiologisch onderzoek (EFSA, 2019f; EFSA & ECDC, 2021b) (data uit rapport inclusief gegevens uit de data-bijlagen). De gegevens over geregistreerde uitbraken en ziektegevallen zijn een onderschatting van het werkelijke aantal uitbraken en ziektegevallen. Tot slot zijn gegevens uit RASFF (Rapid Alert System for Food and Feed) gebruikt.

Deze risicobeoordeling heeft zich voor deze bronnen beperkt tot de periode 2015-2019. Voor de verdere onderbouwing van deze risicobeoordeling is gebruik gemaakt van relevante EFSA opinies en voor de gevareninventarisatie zijn signalen uit de diverse netwerken van EFSA benut, zijnde het Scientific Network on Microbiological Risk Assessment network (MRA), het Emerging Risk Exchange Network (EREN) en het Scientific Network on bovine spongiform encephalopathies and other transmissible spongiform encephalopathies (BSE-TSE). Daarnaast is literatuuronderzoek door BuRO uitgevoerd (zie 13.6.6 Bronverantwoording). Een lijst met gebruikte afkortingen is te vinden in Tabel 13.40 en Tabel 13.41.

In deze risicobeoordeling wordt gebruik gemaakt van ziekteelastschattingen in Nederland van het RIVM over het jaar 2019. Dit is een bewuste keuze geweest, omdat in 2020 door het uitbreken van de COVID-pandemie een trendbreuk is ontstaan in voedselgerelateerde ziektegevallen en uitbraken. Echter, de methodiek van ziekteelastschatting is in 2020 aangepast (Benincà et al., 2021; Mughini-Gras et al., 2022), zodat de methode voor vier belangrijke pathogenen (*Campylobacter*, pathogene *E. coli* (STEC O157), *L. monocytogenes* en *Salmonella*) een betere schatting geeft van de huidige situatie ten opzichte van het model dat tot en met 2019 is gebruikt. Voor deze risicobeoordeling is een doorrekening van het nieuwe model gebruikt voor de situatie in 2019 (persoonlijke communicatie RIVM). De uitkomsten van het model zijn in deze risicobeoordeling afgerond.

De risicobeoordeling is op feiten getoetst door collega's binnen de NVWA (BuRO, Handhaven en Keuren), experts van WFSR en RIVM en door verschillende stakeholders.

13.2.2.2 Wetgeving

In Europa en Nederland is wetgeving van kracht om zoönosen en de verwekkers daarvan te bewaken en/of te bestrijden. Er is wetgeving met betrekking tot diergezondheid, humane gezondheid en voor voedsel. Voor voedsel geldt in het algemeen dat het veilig moet zijn (Vo. (EG) nr. 178/2002), maar voor een aantal specifieke pathogeen-product-combinaties zijn expliciet microbiologische criteria vastgelegd op EU-niveau (Vo. (EG) nr. 2073/2005) en op nationaal niveau (Nederlandse wetgeving: Warenwetsbesluit bereiding en behandeling van levensmiddelen). In Tabel 13.37 en Tabel 13.38 is een overzicht gegeven van relevante wetgeving. Voor de specifieke normen wordt naar de wetgeving zelf verwezen.

13.3 Gevareninventarisatie

Gebruikmakend van bovengenoemde bronnen is een inventarisatie gedaan van micro-organismen die ziekteverwekkend zijn voor de mens, die vóórkomen in diersoorten die binnen de scope van deze risicobeoordeling van de roodvlees- en grofwildketen vallen en die via de alimentaire route naar de mens kunnen verspreiden. Een overzicht van de geïnventariseerde gevaren is gegeven in Tabel 13.1.

Van het totaal aan geïnventariseerde gevaren is een selectie gemaakt op basis van de hieronder genoemde exclusiecriteria. Voor de selectie is grotendeels gebruikt gemaakt van informatie die beschikbaar is bij het RIVM (LCI-richtlijnen, Staat van Zoönosen). Dit is, indien relevant, aangevuld met gegevens uit eerder uitgebrachte risicobeoordelingen van BuRO, informatie van EFSA (Zoönosen-rapportage, opinies), het Bad Bug Book van de US FDA (United States Food and Drug Administration; (US FDA, 2012)) en eventueel literatuur. Alleen de gevaren die na deze selectie overbleven – de geselecteerde gevaren – worden meegenomen in de verdere risicobeoordeling.

De volgende selectiecriteria zijn toegepast, waarbij is aangegeven welke pathogenen daarmee buiten de scope van deze risicobeoordeling vallen:

- i. Dieren uit de roodvlees- en grofwildketen zijn geen reservoir (bron: komt van nature voor), vlees is slechts een vehikel (raakt besmet via een bron en geeft zo de besmetting door), met andere woorden het gevaar komt niet vanuit de roodvlees- en grofwildketen zelf: *Bacillus cereus*, humaan relevant hepatitis A-virus en norovirus (genogroepen GI en GII);
- ii. Rol als ziekteverwekker (vanuit roodvlees- en grofwildketen) onvoldoende bekend: *Arcobacter* spp., *Clostridioides difficile* en rotavirus;
- iii. Pathogeen komt wel voor bij dieren uit de roodvlees- en grofwildketen, maar
 - vlees speelt geen (of nauwelijks een) rol in de overdracht: *Coxiella burnetii*, *Mycobacterium tuberculosis*-complex, *Alaria alata*, *Cryptosporidium* spp., *Echinococcus granulosus*, *Fasciola hepatica* en *Giardia* spp.;
 - ziektegevallen komen in Nederland amper voor: *Clostridium botulinum*, *Trichinella* spp.;
 - het risico ontstaat pas tijdens de bereiding (consumentenfase): *Clostridium perfringens*, *Staphylococcus aureus*.

In 13.6.1 Gevareninventarisatie is per pathogeen een onderbouwing gegeven hoe tot deze beoordeling is gekomen. De pathogenen die na deze selectie zijn overgebleven en worden meegenomen in de risicobeoordeling met betrekking tot de voedselveiligheid van de roodvlees- en grofwildketen zijn:

Campylobacter spp., *L. monocytogenes*, *Salmonella*, STEC, *Yersinia* spp., hepatitis E-virus, *T. gondii* en als *emerging pathogens*: boviene leukose virus, *Taenia solium* en prionen.

13.4 Gevarenkarakterisatie, blootstellingschatting en risicokarakterisatie

In deze risicobeoordeling wordt per pathogeen beoordeeld of er al dan niet een risico bestaat voor de volksgezondheid in Nederland door consumptie van vlees van de verschillende diersoorten die onderdeel uitmaken van de roodvlees- en grofwildketen. Hiervoor is de kans op blootstelling en de ernst van de symptomen beoordeeld. De kans op blootstelling aan een hoeveelheid infectieuze cellen/deeltjes die relevant is voor de gezondheid van de mens (dus blootstelling die tot ziekte leidt) is per pathogeen-diersoort combinatie geschat. De ernst van de veroorzaakte ziekte is per pathogeen beoordeeld.

Tabel 13.1 Overzicht van geïnventariseerde pathogene micro-organismen die vanuit de roodvlees- en grofwildketen een mogelijk gevaar vormen voor de volksgezondheid (voedselveiligheid) in Nederland. Aangegeven is in welke bronnen de gevaren zijn genoemd.

| | EFSA [§] | BuRO ^a | Ziekte ^b | Ziektegevallen en uitbraken | RASFF ^e | |
|--|-------------------|-------------------|---------------------|-----------------------------|---------------------------|------|
| | RIVM [§] | | NL | NL ^c | EFSA ^d | |
| | | | | 2006-'19 | 2019 | |
| | | | | | EFSA netwerk ^f | |
| | | | | | 2015-'19 | |
| Bacteriën | | | | | | |
| <i>Bacillus cereus</i> | | | x | x | x | |
| <i>Campylobacter</i> spp. (incl. <i>Arcobacter</i> spp.) | §, Ⓔ | x | x | x | x | x, § |
| <i>Clostridioides difficile</i> | § | | | | | |
| <i>Clostridium botulinum</i> | Ⓔ | | | | x | |
| <i>Clostridium perfringens</i> | Ⓔ | x | x | x | x | x |
| <i>Coxiella burnetii</i> | Ⓔ | # | | | | |
| <i>Listeria monocytogenes</i> | §, Ⓔ | | x | x | x | x, § |
| <i>M. tuberculosis</i> -complex | Ⓔ* | | | | x** | x, @ |
| STEC | §, Ⓔ | x | x | x | x | x, § |
| <i>Salmonella</i> | §, Ⓔ | x | x | x | x | x, § |
| <i>Staphylococcus aureus</i> | | | x | x | x | x |
| <i>Yersinia</i> spp. | §, Ⓔ | | | | x | § |
| Virus | | | | | | |
| Hepatitis A virus | | | | | x | |
| Hepatitis E virus | §, Ⓔ | x | x | | | § |
| Norovirus | | | x | | x | |
| Rotavirus | | | x | | | |
| Parasieten | | | | | | |
| <i>Alaria alata</i> | | # | | | | § |
| <i>Cryptosporidium</i> spp. | Ⓔ | | x | | | |
| <i>Echinococcus granulosus</i> | | # | | | x | x |
| <i>Fasciola hepatica</i> | Ⓔ | | | | | |
| <i>Giardia</i> spp. | (Ⓔ) | | x | | | |
| <i>Toxoplasma gondii</i> | §, Ⓔ | x | x | | | § |
| <i>Trichinella</i> spp. | §, (Ⓔ) | | | | x | x, § |
| Overig | | | | | | |
| (R)Emerging pathogen | | | | | | |
| - Boviene leukose virus | | # | | | | @ |
| - <i>Taenia</i> spp.** | (Ⓔ) | # | | | | |
| - Prionen (TSE) | Ⓔ | | | | | x, £ |

§ §: (EFSA BIOHAZ Panel, 2011b;2013d;2013g;2013e;2013f; EFSA & ECDC, 2021b)

Ⓔ Ⓔ: (van Kreijl et al., 2004)

^a x: Risicobeoordeling Roodvlees (BuRO, 2015); # Geïnventariseerd vanuit expert-sessies intern BuRO

^b x: (Lagerweij et al., 2020)

^c x: Bewezen uitbraken en ziektegevallen gelinkt aan de roodvlees- en grofwildketen (Friesema et al., 2019a; Friesema et al., 2020c)

^d x: EFSA-ECDC One Health report: Categorie 'meat and meat products'; roodvlees is niet als aparte categorie gerapporteerd (EFSA & ECDC, 2021b)

^e x: RASFF bevat voornamelijk pathogenen waarvoor wettelijke normen zijn

^f §: MRA Netwerk (EFSA, 2015b;2016d;2017b;2018c;2019d); £: BSE-TSE Netwerk (EFSA, 2015a;2016b;2017a;2018b;2019c); @: EREN (EFSA, 2016c;2019b;2019a;2020b)

* *M. avium* subs. *avium* bij varken; *M. bovis* bij rund; *M. avium* subs. *paratuberculosis* bij rund

** *M. bovis*/*M. caprae*

*** *Taenia saginata* bij rund; *T. solium* bij varken via import

De blootstelling per pathogeen-diersoort-combinatie is gecategoriseerd als “laag” als geschat wordt dat er minder dan 2.000 ziektegevallen per jaar in Nederland (17 miljoen inwoners) veroorzaakt worden door die pathogeen via consumptie van vlees van de desbetreffende diersoort en als “hoog” als dit meer dan 2.000 ziektegevallen per jaar zijn. Deze waarde van 2.000 ziektegevallen per jaar is een arbitraire waarde. EFSA hanteert een indeling in vier categorieën waarbij minder dan 100.000 ziektegevallen in de EU per jaar per pathogeen als “laag” wordt gecategoriseerd (EFSA BIOHAZ Panel, 2013a). Voor Nederland is dat relatief gezien ongeveer gelijk aan minder dan 4.000 zieken per jaar. Dit echter omvat de totale incidentie per pathogeen, terwijl in deze risicobeoordeling het alleen de incidentie via vleesconsumptie per pathogeen-diersoort-combinatie betreft.

Om deze blootstelling per voedselcategorie te kwalificeren, wordt gebruik gemaakt van de jaarlijkse incidentieschatting per voedselcategorie uit het ziektelastschattingenmodel van het RIVM. Voor deze risicobeoordeling is gebruik gemaakt van de aangepaste gegevens van het jaar 2019 (Lagerweij et al. (2020) aangepast op basis van Benincà et al. (2021)). Met betrekking tot de roodvlees- en grofwildketen zijn echter alleen de categorie “vlees van rund/lam” en “vlees van varken” in dit model opgenomen. Op basis van aanvullende gegevens is een beoordeling gedaan voor de andere diersoorten uit de roodvlees- en grofwildketen. Met een arbitraire waarde van 2.000 ziektegevallen/jaar voor de Nederlandse populatie kan voor de geïnventariseerde gevaren onderscheid worden gemaakt in lage dan wel hoge blootstelling.

De ernst van de ziekte is gecategoriseerd op basis van de ziektelast uitgedrukt in DALY, dit is een internationale maat voor ziektelast (WHO, 2022b). Dit staat voor *Disability Adjusted Life Years*. Een DALY drukt het aantal jaren uit dat men leeft in slechtere gezondheid, met een handicap of door vroegtijdig overlijden. Het omvat zowel de acute effecten (bijvoorbeeld diarree), de meer langere termijn effecten (bijvoorbeeld reactieve artritis, prikkelbare darm syndroom) als de mortaliteit. De ernst is gecategoriseerd als “laag” als de ziektelast per 1.000 ziektegevallen minder dan 10 DALY bedraagt. Als “middelmatig” als deze tussen 10-99 DALY ligt, als “hoog” als dit tussen 100-999 DALY ligt en als “erg hoog” als deze groter is dan 999 DALY (EFSA BIOHAZ Panel, 2013a) (Tabel 13.17).

13.4.1 **Campylobacter spp.**

13.4.1.1 **Gevarenkarakterisatie**

Campylobacter behoort tot de familie van *Campylobacteraceae*. Er zijn meerdere *Campylobacter*-soorten (spp.), waarvan bij de mens voornamelijk *C. jejuni* ziektegevallen veroorzaakt, gevolgd door *C. coli* en in mindere mate andere *Campylobacter* spp. zoals *C. lari*, *C. upsaliensis* en *C. fetus* (RIVM, 2006a; US FDA, 2012).

De ziekte die deze pathogeen veroorzaakt is campylobacteriose. *Campylobacter*-infecties kunnen maag-darmontstekingen (gastro-enteritis) veroorzaken. Een groot deel van de infecties verloopt echter zonder ziekteverschijnselen. Postinfectieuze complicaties die geassocieerd zijn met campylobacteriose zijn reactieve artritis, Guillain-Barre-syndroom (GBS), ‘IBD’ (inflammatory bowel disease: inflammatoire darmziekte) en het Prikkelbare Darm Syndroom. Deze aandoeningen zijn chronisch (RIVM, 2006a). Bij goede behandeling is de kans op sterfte middelmatig (1:100 - 1:1.000) (van Kreijl et al., 2004).

Inname van een kleine hoeveelheid campylobacter-kiemen (minder dan 1000) kan al tot ziekte leiden (RIVM, 2006a). Groei in het product is daarmee niet noodzakelijk om ziekte bij de mens te veroorzaken (Tabel 13.16). *Campylobacter* spp. groeien alleen onder vrij specifieke omstandigheden, zoals een micro-aerofiele atmosfeer en in een temperatuurbereik van 30–45 °C. Omstandigheden die aanwezig zijn in de darmen van warmbloedige dieren (FSANZ, 2013; Chlebicz & Slizewska, 2018). Maar *Campylobacter* spp. overleven wel daarbuiten, zelfs langere tijd (maanden) bij lagere temperaturen (bijvoorbeeld in de koelkast) onder vochtige omstandigheden (Bhaduri & Cottrell, 2004; Sampers et al., 2010; US FDA, 2019). *Campylobacter* spp. zijn gevoelig voor vochtverlies/uitdroging waardoor de levensvatbaarheid afneemt, zoals tijdens de opslag van karkassen. Ook op droge oppervlakken overleven *Campylobacter* spp. niet goed. *Campylobacter* spp. worden afgedood door koken en invriezen heeft een gering kiemreducerend effect op *Campylobacter* spp. (FSANZ, 2013).

Kinderen (<4 jaar) hebben een verhoogde kans op infectie. Een verhoogde kans op een ernstig beloop hebben onder andere ouderen (>70 jaar) (RIVM, 2006a).

13.4.1.2 Blootstellingsschatting

Besmettingsroutes naar de mens

Mensen worden ziek door de inname van besmet voedsel of water of door directe feco-orale besmetting door contact met dieren. Bij onvoldoende keukenhygiëne kan kruisbesmetting optreden naar levensmiddelen die rauw worden gegeten. Directe overdracht van mens op mens speelt slechts een beperkte rol (RIVM, 2006a).

Aantreffen in de keten

Bij veel diersoorten behoren *Campylobacter* spp. tot de normale darmflora. Voor dieren die binnen de scope van de roodvlees- en grofwildketen vallen zijn dit: varken, rund, schaap, geit, paard en wild (i.e. hertachtigen, wild zwijn, struisvogel). *Campylobacter* spp. komen via feces van deze dieren terecht in het milieu, zoals grond en water (Kuhn et al., 2017). Bij jonge zoogdieren veroorzaakt deze pathogeen vaak diarree, terwijl oudere dieren meestal symptoomloos drager zijn. Dit geldt niet voor schapen en geiten, bij deze dieren kan abortus optreden in geval van campylobacteriose veroorzaakt door met name *C. jejuni* en *C. fetus* (GD, 2022b). Ook kan een infectie met *C. fetus* bij runderen en schapen bacteriëmie veroorzaken, welke vaak minder goed te bestrijden blijkt (RIVM, 2006a).

Dieren lopen *Campylobacter* spp. op door contact met besmette feces (dier-op-dier contact (feco-orale route)), waarbij voer of water een vehikel kan zijn. *Campylobacter* spp. worden in het algemeen niet aangetroffen in diervoer (BuRO, 2019b).

Varken

EFSA heeft *Campylobacter* spp. beoordeeld als een relevant gevaar in varkens, maar geclassificeerd als een laag risico geassocieerd met gekoelde varkensarkassen. Dit was gebaseerd op de significante reductie van *Campylobacter* spp. na afkoeling (uitdroging) van het karkas (EFSA BIOHAZ Panel, 2011b). Deze conclusie is in tegenspraak met die van Fosse et al. (2008), die *Campylobacter* spp. prioriteren als hoog risico. EFSA gaf aan dat *Campylobacter* spp. wel gemonitord zouden moeten worden (EFSA BIOHAZ Panel, 2011b).

In Nederland werd in 2013 in het kader van de zoonosensurveillance bij landbouwhuisdieren onderzoek uitgevoerd bij vleesvarkensbedrijven. Op 93% van 178 onderzochte vleesvarkensbedrijven werden *Campylobacter* spp. in feces van varkens aangetroffen (Zomer et al., 2014). In 2019-2020 werden 148 vleesvarkensbedrijven onderzocht, waarvan 112 bedrijven (76%) positief waren voor *Campylobacter* spp. (mestonderzoek) (Vlaanderen et al., 2021). Ook in de EU (2019) worden *Campylobacter* spp. met regelmaat (59%) bij varkens aangetroffen (1.125 monsters, verschillende type monsters (dier, kudde et cetera)) (EFSA & ECDC, 2021b).

In het door de GD uitgevoerde pathologisch onderzoek op gestorven dieren werd bij geen van circa 4.900 onderzochte varkens en circa 7.000 biggen *Campylobacter* spp. aangetroffen (Tabel 13.2, Tabel 13.20).

In vers vlees (inclusief vleesbereidingen) van varkens werd in Nederland in de periode 2015-2019 in 0,4% (circa 1.300 monsters) van de gevallen *Campylobacter* spp. aangetroffen (Tabel 13.2, Tabel 13.20). Dit is lager dan de prevalentie op EU-niveau (4%; circa 3.500 monsters) in die periode (EFSA & ECDC, 2016;2017;2018a; 2019;2021b). In de periode 2015-2019 werd één melding over het aantreffen van *Campylobacter* spp. op roodvlees of wild in RASFF genotificeerd. Het betrof een melding over *C. coli* op vers varkensvlees (Tabel 13.28).

Onderzoek uit Canada naar de seizoensafhankelijkheid van het aantreffen van *Campylobacter* spp. op vlees van varkens (karkassen, vers vlees) laat zien dat de prevalentie toeneemt bij het stijgen van de temperatuur en het hoogst is in de zomer (juni, juli) (Smith et al., 2019). In Groot-Brittannië (slachthuis: feces) werd geen verschil tussen de seizoenen waargenomen (Milnes et al., 2009).

Tabel 13.2 *Campylobacter* spp. in de roodvleesketen. Data NVWA/WFSR (levensmiddelen: detectie in 25 g; dier (kudde): feces uit de stal), GD en VMDC (pathologie monsters); 2015-2019.

| Ketenschakel | Product | Diersoort | # Positief | # Totaal | % Positief |
|----------------|--|--|--------------|--------------|---------------|
| GD/VMDC | | | | | |
| Boerderij | Dier (pathologie) | Paard | 14 | 499 | 2,8% |
| | | Rund (kalf) | 1 | 42 | 2,4% |
| | | Schaap | 29 | 1.907 | 1,5% |
| | | Geit | 2 | 1.678 | 0,1% |
| | | Varken | 0 | 4.874 | 0,0% |
| | | Big | 0 | 6.973 | 0,0% |
| | | Rund | 0 | 12.673 | 0,0% |
| | | Totaal GD/VMDC | | 46 | 59.213 |
| NVWA | | | | | |
| Boerderij | Dier (kudde) | | 527 | 728 | 72,4% |
| | | Schaap (melkschaap; feces)* | 23 | 24 | 95,8% |
| | | Rund (melkvee; feces) [§] | 164 | 181 | 90,6% |
| | | Rund (vleesstier; feces)* | 164 | 196 | 83,7% |
| | | Varken (vleesvarken; feces) [@] | 112 | 148 | 75,7% |
| | | Geit (melkgeit; feces)* | 64 | 179 | 35,8% |
| Retail | Vers vlees (incl. vleesbereidingen) | | 42 | 3.716 | 1,1% |
| | | Schaap | 3 | 33 | 9,1% |
| | | Geit | 2 | 36 | 5,6% |
| | | Lam | 20 | 847 | 2,4% |
| | | Kalf | 8 | 460 | 1,7% |
| | | Rund | 4 | 1.016 | 0,4% |
| | | Varken | 5 | 1.324 | 0,4% |
| | Gehakt vlees (incl. vleesbereidingen) | | 2 | 63 | 3,2% |
| | | Lam | 2 | 45 | 4,4% |
| | | Varken | 0 | 1 | 0% |
| | | Schaap | 0 | 1 | 0% |
| | | Geit | 0 | 6 | 0% |
| | | Rund | 0 | 10 | 0% |
| | | Totaal Retail | 44 | 3.779 | 1,2% |
| | Totaal NVWA | 528 | 4.447 | 11,9% | |

VMDC

* Data zoals gerapporteerd aan EFSA, deze wijken dankzij correctie af van data in RIVM rapportage (Zomer et al., 2014; Opsteegh et al., 2018; Cuperus et al., 2019)

[§] Data uit 2020-2021, maar vanwege relevantie meegenomen in deze risicobeoordeling

[@] Betreft data van 2019-2020 (Vlaanderen et al., 2021)

Varkens worden voornamelijk geassocieerd met *C. coli*. De verdeling van *Campylobacter* species in de 222 *Campylobacter*-isolaten afkomstig van het onderzoek op vleesvarkensbedrijven in 2013 was 3% *C. jejuni* en 97% *C. coli* (Zomer et al., 2014). In de studie uit 2020-2019 waren alle aangetroffen campylobacters *C. coli* (Vlaanderen et al., 2021). Van 110 isolaten afkomstig uit in 2014-2019 verzamelde monsters van feces en vlees van varkens in Nederland was dat 9% *C. jejuni* en 91% *C. coli* (Mughini-Gras et al., 2021).

Rund

EFSA heeft in haar opinie over de vleeskeuring met betrekking tot runderkarkassen het risico van *Campylobacter* spp. via gekoelde runderkarkassen geprioriteerd als een laag risico. Er is onzekerheid over de mate waarin rundvlees bijdraagt aan de ziektelast van *Campylobacter* spp. De pathogeen komt voor bij rundvee, maar uitbraken veroorzaakt door consumptie van rundvlees zijn schaars in de EU. Echter, epidemiologische studies sluiten de rol van rundvlees ook niet uit. Het belang van rundvlees als besmettingsroute naar de mens wordt door EFSA als laag beschouwd, voornamelijk door het effect van karkaskoeling (uitdroging) op de overleving van *Campylobacter* spp. (EFSA BIOHAZ Panel, 2013d).

In 2017 zijn in Nederland in in het kader van de zoönosensurveillance bij landbouwhuisdieren 196 vleesveebedrijven (vleesstieren) bezocht voor onderzoek naar het vóórkomen van zoönoseverwekkers (mestonderzoek). Bij 164 (84%) bedrijven werden *Campylobacter* spp. aangetroffen (Cuperus et al., 2019). In 2020-2021 werden 181 melkveebedrijven bezocht, waarbij op 91% van de bedrijven *Campylobacter* spp. vóórkwamen (mestonderzoek) (Cuperus et al., 2022) (Tabel 13.2, Tabel 13.21).

Uit pathologisch onderzoek van de GD op aangeboden kadavers van op de boerderij gestorven dieren bleek dat in de periode 2015-2019 bij geen van circa 12.700 onderzochte runderen *Campylobacter* spp. werden aangetroffen (Tabel 13.2, Tabel 13.21).

In de EU werd in de periode 2015-2019 een kuddeprevalentie van 6% waargenomen (circa 1.000 kuddes). Van de onderzochte individuele dieren (circa 9.750 dieren) was 6% positief, van de batches slachtdieren (circa 1.200 batches) was dat 48%. Het ging hierbij om verschillende typen monsters en onderzoeken, maar niet meegenomen in deze analyse zijn *blood/organ/tissue/vaginal swabs, clinical investigation/suspect/selective sampling* en *breeding bulls* (EFSA & ECDC, 2016;2017;2018a;2019; EFSA, 2020c).

Vers rund- en kalfsvlees (inclusief vleesbereidingen) dat in de periode 2015-2019 door de NVWA werd bemonsterd en onderzocht op *Campylobacter* spp. was in respectievelijk 0,4% (circa 1.000 monsters) en 1,7% (circa 500 monsters) van de gevallen positief voor deze pathogeen (Tabel 13.2, Tabel 13.21).

In 2019 werd in de EU *Campylobacter* spp. in 2% van het onderzochte vers rundvlees (circa 400 monsters) aangetoond (EFSA & ECDC, 2021b). Er waren geen RASFF-meldingen in de periode 2015-2019 over het aantreffen van *Campylobacter* spp. op rundvlees (Tabel 13.28).

Runderen worden voornamelijk geassocieerd met *C. jejuni*. De verdeling van *Campylobacter* species in 158 isolaten afkomstig van in 2014-2019 verzamelde monsters van feces en vlees van runderen in Nederland was 99% *C. jejuni* en 1% *C. coli*. Voor 49 isolaten afkomstig van kalveren was de verdeling 80% *C. jejuni* en 20% *C. coli* (Mughini-Gras et al., 2021).

Bij de mens is er een seizoenstrend waar te nemen in de campylobacteriose-gevallen, met een piek in de zomer (Figuur 13.4). Bij runderen lijkt deze trend er niet te zijn, gebaseerd op onderzoek uit Groot-Brittannië (slachthuis: feces) (Milnes et al., 2009).

Kleine herkauwers

Campylobacter spp. zijn door EFSA geassocieerd als een gevaar met lage prioriteit voor de volksgezondheid in het kader van vleeskeuring van kleine herkauwers (geit, schaap). Dit is gebaseerd op het feit dat data uit epidemiologische of attributiestudies suggereren dat consumptie van vlees van kleine herkauwers geen risicofactor is. Ook het feit dat er tijdens het koelen van karkassen een significante reductie van *Campylobacter* spp. optreedt, speelt in deze beoordeling een rol (EFSA BIOHAZ Panel, 2013f).

In 2016 zijn in Nederland in het kader van de zoönosensurveillance bij landbouwhuisdieren melkgeiten en -schapenbedrijven onderzocht op aanwezigheid van *Campylobacter* spp. (fecesmonsters) (Opsteegh et al., 2018). Van de 24 onderzochte melkgeitbedrijven was 96% (23 bedrijven) positief voor deze pathogeen. Van de onderzochte 179 melkgeitenbedrijven waren er 64 (36%) positief voor *Campylobacter* spp. (Tabel 13.2, Tabel 13.22, Tabel 13.23).

Pathologisch onderzoek van de GD op aangeboden kadavers van op de boerderij gestorven dieren in de periode 2015-2019 toonde in 1,5% van onderzochte schapen (circa 1.900 dieren) en in 0,1% van de onderzochte geiten (circa 1.700 dieren) *Campylobacter* spp. aan (Tabel 13.2, Tabel 13.22, Tabel 13.23).

In de EU (2004-2011) werd op kudde-niveau een prevalentie van *Campylobacter* spp. waargenomen bij geiten van 4% (circa 350 kuddes) en bij schapen van 8% (circa 1.200 kuddes). Op dierniveau was dit 5% (voor geiten circa 1.200 dieren) en 3% voor schapen (circa 6.600 dieren) (EFSA BIOHAZ Panel, 2013f). In de periode 2015-2019 werden *Campylobacter* spp. aangetroffen bij 21% van de onderzochte geitenbedrijven/kuddes in de EU (circa 300 holdings/herds/flocks), voor schapen was dat 9% (circa 700 holdings/herds/flocks). Op individueel dierniveau bleek voor geiten dat 1% van de in de EU onderzochte dieren positief was voor *Campylobacter* spp. (circa 450 dieren), voor schapen was dat 6% (circa 200 dieren) (EFSA & ECDC, 2016;2017;2018a;2019;2021b). De aan EFSA gerapporteerde data betreffen onderzoeken die op verschillende manieren zijn uitgevoerd, in bovenstaande analyse zijn de volgende data niet meegenomen: *clinical/suspect/select sampling*, de matrices *blood/organ/tissue/foetus/stillbirth/vaginal or placental swabs* en dieren uit de dierentuin.

De NVWA onderzocht in de periode 2015-2019 verschillende typen vlees van kleine herkauwers afkomstig uit de retail. Vers vlees (inclusief vleesbereidingen) van schaap, lam en geit was in respectievelijk 9% (circa 30 monsters), 2% (circa 800 monsters) en 6% (circa 40 monsters) van de gevallen positief voor *Campylobacter* spp. Van het onderzochte lamsgehakt was 4,4% (circa 50 monsters) positief (Tabel 13.2).

In de EU bedroeg in de periode 2004-2011 de prevalentie van *Campylobacter* spp. op vers vlees (karkassen) van schapen 2% (circa 1.900 monsters). Er waren in die periode geen gegevens beschikbaar over vers vlees (karkassen) van geiten (EFSA BIOHAZ Panel, 2013f). In 2019 bedroeg de prevalentie op vers schapenvlees 2% (circa 300 monsters). Van de 12 monsters vers geitenvlees die werden onderzocht op aanwezigheid van *Campylobacter* spp. bleek één monster (8%) positief (EFSA & ECDC, 2021b). Er waren geen RASFF-meldingen in de periode 2015-2019 over het aantreffen van *Campylobacter* spp. op vlees van kleine herkauwers (Tabel 13.28).

In Griekenland bleek de prevalentie van *Campylobacter* spp. op karkassen van schapenlammeren 53% (circa 50 karkassen), voor geitenlammeren was dat 57% (circa 50 karkassen) (Lazou et al., 2014). Literatuurstudies over het vóórkomen van *Campylobacter* spp. op vers geitenvlees zijn beperkt en met name afkomstig uit landen in Afrika of het Midden-Oosten. Prevalenties die in deze studies werden waargenomen zijn 4% (Iran, circa 50 monster), 7% (Ethiopië, circa 100 monsters), 9% (Iran, circa 200 monsters), 9% (Ethiopië, alleen *C. jejuni/C. coli*, circa 100 monsters), 41% (Congo, alleen *C. jejuni/C. coli*, circa 200 monsters) (Dadi & Asrat, 2008; Ebrahim et al., 2010; Rahimi et al., 2010; a Mpalang et al., 2014; Hagos et al., 2021).

Kleine herkauwers worden voornamelijk geassocieerd met *C. jejuni*. De verdeling van *Campylobacter* species binnen de 111 beschikbare *Campylobacter*-isolaten afkomstig van in 2014-2019 verzamelde monsters van feces en vlees van kleine herkauwers (Nederland) was 77% *C. jejuni* en 23% *C. coli* (Mughini-Gras et al., 2021). In het onderzoek uit Griekenland bleek *C. coli* (21%) vaker voor te komen dan *C. jejuni* (8%) (Lazou et al., 2014).

Uit onderzoek uitgevoerd in Schotland blijkt dat besmette lammeren vaak hogere hoeveelheden van de bacterie bij zich dragen dan oudere dieren (Shange et al., 2019). Bij de mens is er een seizoenstrend waar te nemen in de campylobacteriose-gevallen, met een piek in de zomer (zie Figuur 13.4). Bij schapen werd in Groot-Brittannië (slachthuis: feces) juist een piek gezien in de winter (Milnes et al., 2009).

Paarden

EFSA heeft *Campylobacter* spp. niet geïnventariseerd als relevant gevaar voor de vleeskeuring van karkassen van paarden vanwege gebrek aan bewijs dat vlees van paarden met *Campylobacter* spp. besmet kan zijn en een rol speelt in de blootstelling van de mens. De enige literatuurreferentie die in de EFSA opinie wordt genoemd betreft een onderzoek uit Frankrijk met 320 karkassen van paarden waarbij geen *Campylobacter* spp. werden aangetroffen (EFSA BIOHAZ Panel, 2013c).

Pathologisch onderzoek uitgevoerd door de GD op aangeboden kadavers van paarden laat zien dat bij 3% *Campylobacter* spp. werden aangetroffen. *Campylobacter* spp. komen dus voor bij paarden in Nederland en zal aannemelijker wijs ook op paardenvlees voor kunnen komen. Er zijn geen NVWA-data over het vóórkomen van *Campylobacter* spp. bij paarden in de periode 2015-2019.

Op EU-niveau werden in de periode 2015-2019 bij 0,5% van de onderzochte bedrijven/kuddes paarden *Campylobacter* spp. aangetroffen (circa 200 holdings/herds/flocks). Op dierniveau was de prevalentie 0,2% (circa 500 dieren) (EFSA & ECDC, 2016;2017;2018a;2019;2021b). De aan EFSA gerapporteerde data betreffen onderzoeken die op verschillende manieren zijn uitgevoerd, in bovenstaande analyse zijn de volgende data niet meegenomen: *clinical/suspect/select sampling*, de matrices *blood/organ/tissue/foetus/stillbirth/vaginal or placental swabs* en dieren uit de dierentuin.

Er zijn geen NVWA-data over *Campylobacter* spp. op vers paardenvlees in de periode 2015-2019 (Tabel 13.2). In de EU werd in 2019 amper data gerapporteerd over onderzoek van vers paardenvlees op aanwezigheid van *Campylobacter* spp. Van de 5 onderzochte monsters was er één positief (20%) (EFSA & ECDC, 2021b). Er waren geen RASFF-meldingen in de periode 2015-2019 over het aantreffen van *Campylobacter* spp. op paardenvlees (Tabel 13.28).

Onderzoek naar het vóórkomen van *Campylobacter* spp. op vers paardenvlees is amper gepubliceerd. Er is (met de beperkte zoekopdracht) slechts één publicatie gevonden. De waargenomen prevalentie was 0% (Frankrijk, circa 100 monsters) (Dorey & Collobert, 1999).

Wild zwijn

EFSA constateert in haar opinie over de risico's die door de keuring van vlees van wild afgedekt moeten worden dat er te weinig gegevens zijn om de prioriteit van *Campylobacter* spp. voor wat betreft de keuring van karkassen van gehouden wilde zwijnen te kunnen bepalen. Zo is er te weinig epidemiologisch bewijs dat vlees van wild zwijnen tot campylobacteriose bij de mens heeft geleid. De paar studies die toen beschikbaar waren met betrekking tot het vóórkomen van *Campylobacter* spp. bij wild zwijn vonden een lage prevalentie (0-3%; diverse matrices: feces, tonsillen, karkassen) in gejaagd wild zwijn. Daarnaast beoordeelt EFSA dat – hoewel mogelijk minder relevant voor wild zwijn dan voor varkenskarkassen – het risico van *Campylobacter* spp. laag is op basis van de reductie die plaatsvindt vanwege uitdroging van de karkassen tijdens het afkoelen van de karkassen (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e).

Er zijn geen NVWA-data over het vóórkomen van *Campylobacter* spp. bij wilde zwijnen of op vlees van wilde zwijnen in de periode 2015-2019 (Tabel 13.2).

Op EU-niveau werd in de periode 2015-2019 amper data gerapporteerd aan EFSA over onderzoek op bedrijfs- of kuddeniveau. Bij de 4 bedrijven/rottes met/van wilde zwijnen die werden onderzocht werden geen (0%) *Campylobacter* spp. aangetroffen. Op dierniveau werd in de EU een prevalentie gerapporteerd van 11% (circa 500 onderzochte dieren) (EFSA & ECDC, 2016;2017;2018a;2019;2021b). De aan EFSA gerapporteerde data betreffen onderzoeken die op verschillende manieren zijn uitgevoerd, in bovenstaande analyse zijn de volgende data niet meegenomen: *clinical/suspect/select sampling*, de matrices *blood/organ/tissue/foetus/stillbirth/vaginal or placental swabs* en dieren uit de dierentuin.

Recentere publicaties over het vóórkomen van *Campylobacter* spp. bij wilde zwijnen laten hogere prevalenties zien dan eerder door EFSA gevonden. Bij wilde zwijnen in Italië (2019) werden *Campylobacter* spp. bij 50% van de geschoten dieren (circa 80 dieren; feces onderzoek) aangetroffen. Het ging hierbij vooral om *C. lanienae* (41% van de dieren), *C. jejuni* en *C. coli* werden beiden bij 1 dier aangetroffen (1%) (Kerkhof et al., 2022). In Spanje (2015-2016, Barcelona) bleek 61% van de 130 onderzochte wilde zwijnen (feces monsters) positief voor *Campylobacter* spp. *C. lanienae* werd bij 46% van de dieren aangetroffen, *C. coli* bij 16%, *C. jejuni* werd niet aangetroffen (Castillo-Contreras et al., 2022). In Zuid-Spanje (2011-2012) werden bij 39% van de onderzochte wilde zwijnen (circa 125 dieren, feces monsters) *Campylobacter* spp. aangetroffen. Ook hier weer voornamelijk *C. lanienae* (69%), gevolgd door *C. coli* (16%) en *C. jejuni* (4%) (Carbonero et al., 2014). In Tsjechië werden bij 55% van de geschoten wilde zwijnen (circa 600 dieren,

feces monsters) *Campylobacter* spp. aangetroffen. *C. coli* was hierbij het meest vóórkomende type (47%) gevolgd door *C. jejuni* (13%) (Hulánková et al., 2018).

In de EU werd in 2019 amper (<5 monsters) onderzoek gedaan naar aanwezigheid van *Campylobacter* spp. op vers vlees van wilde zwijnen. Deze pathoëen werd niet aangetroffen (EFSA & ECDC, 2021b).

In de literatuur zijn ook bijna geen studies beschreven die de prevalentie van *Campylobacter* spp. op vlees van wilde zwijnen hebben bestudeerd. Er werd (met de beperkte zoekopdracht) één studie gevonden. In deze studie uit Italië werd geen *Campylobacter* spp. aangetroffen (0%, circa 30 monsters) (Peruzi et al., 2022).

Er waren geen RASFF-meldingen in de periode 2015-2019 over het aantreffen van *Campylobacter* spp. op vlees van wilde zwijnen (Tabel 13.28).

Hertachtigen

EFSA constateert in haar opinie over de risico's die door de keuring van vlees van wild afgedekt moeten worden dat er onvoldoende gegevens zijn om het risico van *Campylobacter* spp. in gehouden en vrij levende hertachtigen in te schatten. De beperkte gegevens die voorhanden waren laten een prevalentie van *Campylobacter* spp. bij gehouden hertachtigen zien variërend van 0 tot 3% en bij vrij levende hertachtigen variërend van 0 tot 4% (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e).

Er zijn geen data van de NVWA over het vóórkomen van *Campylobacter* spp. in hertachtigen of op vlees daarvan (Tabel 13.2).

Op EU-niveau werden in de periode 2015-2019 *Campylobacter* spp. aangetroffen bij 3% van de daarop onderzochte hertachtigen (circa 800 dieren) (EFSA & ECDC, 2016;2017;2018a;2019;2021b). De aan EFSA gerapporteerde data betreffen onderzoeken die op verschillende manieren zijn uitgevoerd, in bovenstaande analyse zijn de volgende data niet meegenomen: *clinical/suspect/select sampling*, de matrices *blood/organ/tissue/foetus/stillbirth/vaginal or placental swabs* en dieren uit de dierentuin.

Er zijn op EU-niveau (2019) geen data over vóórkomen van *Campylobacter* spp. op vlees van hertachtigen (EFSA & ECDC, 2021b). Er waren geen RASFF-meldingen in de periode 2015-2019 over het aantreffen van *Campylobacter* spp. op vlees van hertachtigen (Tabel 13.28).

In de literatuur zijn een aantal studies beschreven over het vóórkomen van *Campylobacter* spp. bij hertachtigen (fecesonderzoek). In Spanje was dat 2% (circa 200 dieren) (Carbonero et al., 2014). In Japan vond men *Campylobacter* spp. bij 6% van de onderzochte sikaherten (circa 300 dieren) (Tomino et al., 2020). In een andere studie uit Japan werden bij 3% van de wilde hertachtigen *Campylobacter* spp. aangetroffen, maar het betrof geen *C. jejuni* of *C. coli* (Morita et al., 2022). In Nieuw Zeeland bleek 13% van de gehouden hertachtigen positief (circa 200 dieren). Het betrof met name *C. jejuni* (44%) en *C. coli* (30%) of beiden (20%) (Pattis et al., 2017). Er zijn geen studies gevonden waarbij vers vlees van hertachtigen werd onderzocht.

Overige diersoorten

Door gebrek aan voldoende gegevens (geen beschreven ziektegevallen, weinig prevalentiestudies) kon EFSA geen oordeel geven over de prioriteit van *Campylobacter* spp. met betrekking tot de vleeskeuring van (gehouden) struisvogels. Wel wordt dit vlees beschouwd als een route waarlangs de mens besmet kan raken met *Campylobacter* spp. Dit is gebaseerd op het literatuuronderzoek dat EFSA uitvoerde voor haar opinie, waarbij een 5-tal prevalentiestudies wordt aangehaald die aantonen dat deze pathoëen vóórkomt bij gehouden struisvogels (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e).

Er zijn geen data van de NVWA over het vóórkomen van *Campylobacter* spp. op vlees van struisvogels en de andere overige diersoorten (Tabel 13.2).

Op EU-niveau werden in de periode 2015-2019 een aantal gemzen, steenbokken en moeflons (circa 200 dieren) onderzocht op *Campylobacter* spp., bij 1% werd deze pathoëen aangetroffen. Andere "overige

(exotische) diersoorten” werden niet gerapporteerd. Ook het vlees van deze dieren wordt amper onderzocht in de EU. In 2019 betrof het minder dan 5 monsters voor zowel (gehouden) loopvogels (struisvogel, emu; allen negatief) als overig (gehouden) wild (allen negatief) (EFSA & ECDC, 2016;2017;2018a;2019;2021b). De aan EFSA gerapporteerde data betreffen onderzoeken die op verschillende manieren zijn uitgevoerd, in bovenstaande analyse zijn de volgende data niet meegenomen: *clinical/suspect/select sampling*, de matrices *blood/organ/tissue/foetus/stillbirth/vaginal or placental swabs* en dieren uit de dierentuin.

Er waren geen RASFF-meldingen in de periode 2015-2019 over het aantreffen van *Campylobacter* spp. op vlees van overige (exotische) diersoorten (Tabel 13.28).

Er zijn weinig studies gepubliceerd over het vóórkomen van *Campylobacter* spp. op struisvogelvlees. In Iran kwamen *Campylobacter* spp. voor op 13% van de onderzochte monsters (circa 25 monsters) (Rahimi et al., 2011). In Zuid-Afrika bleek in slachthuis 66% van de karkassen (na het koelen) *Campylobacter* spp. positief (Shange, 2020).

Ziektegevallen en ziektelast

Ziektegevallen en uitbraken

Campylobacteriose is in Nederland niet meldingsplichtig, behalve als het een uitbraak betreft met voedsel als vermoedelijke bron (Tabel 13.37). Wel vindt laboratoriumsurveillance plaats door het RIVM. De waargenomen incidentie van campylobacteriose in 2019 in Nederland bedroeg 35 patiënten per 100.000 inwoners. In de periode 2015-2019 daalde de incidentie van campylobacteriose. In 2015 bedroeg de incidentie 43 patiënten per 100.000 inwoners.

Campylobacter spp. behoren tot de meest vóórkomende zoönoseverwekkers die bij de mens ziekte veroorzaken in de EU (EFSA & ECDC, 2021b). Sinds 2005 is campylobacteriose de meest gerapporteerde zoönose in de EU. Over de periode 2015-2019 is het aantal geregistreerde ziektegevallen in de verschillende jaren redelijk stabiel (EFSA & ECDC, 2021b).

In Nederland werden in de periode 2006-2019 140 uitbraken van campylobacteriose geregistreerd, waarvan er 10 met een bevestigde voedselbron (Tabel 13.31). Eén uitbraak had betrekking op de roodvleesketen: 6 zieken door rundvlees (ossenhaas). Er waren in die periode geen andere roodvlees-gerelateerde uitbraken van *Campylobacter* spp. Deze uitbraak representeerde 3% van het totaal van 32 uitbraken gerelateerd aan roodvlees (Tabel 13.32) (Friesema et al., 2019a; Friesema et al., 2020c).

In de EU waren er in de periode 2015-2019 in totaal 145 aan voedsel gerelateerde uitbraken van *Campylobacter* spp. met 9.347 zieken, 102 ziekenhuisopnames en 0 overlijdensgevallen tot gevolg. Hiervan werden 14 (10%) uitbraken toegeschreven aan roodvlees: 4 aan rundvlees(producten), 2 aan varkensvlees(producten) en 8 aan andere of gemengde roodvlees(producten) (Tabel 13.33). Deze 14 aan roodvlees toegeschreven uitbraken van *Campylobacter* spp. representeerden 3% van de 500 uitbraken gerelateerd aan roodvlees (Tabel 13.34).

Ziektelastschattingen en bronattributie

Op basis van de waargenomen incidentie wordt geschat dat in 2019 73.000 mensen in Nederland campylobacteriose opliepen, waarvan er 53 overleden. De meeste ziektegevallen worden veroorzaakt door *C. jejuni* (88%), gevolgd door *C. coli* (10%) en andere of niet te bepalen *Campylobacter* spp. (2%). De ziektelast wordt geschat op 3.300 DALY met € 62 miljoen aan kosten (4% discontering) voor de samenleving voor dat jaar (Lagerweij et al., 2020; Vlaanderen et al., 2020).

De gemiddelde ziektelast voor campylobacteriose werd in 2019 geschat op 0,05 DALY per ziektegeval (Tabel 13.17) (Lagerweij et al., 2020).

Om te schatten welk aandeel van de ziektegevallen – en dus van de ziektelast - aan de verschillende blootstellingsroutes kan worden toegeschreven, wordt bronattributie gebruikt. Geschat wordt dat in

2019 55% (1.800 DALY) van de ziektelast van campylobacteriose aan voedsel kan worden geattribueerd. Binnen deze 1.800 DALY aan voedsel geattribueerde ziektelast van *Campylobacter* spp. is het aandeel van roodvlees (rund/lam, varken) afgerond 23% (418 DALY, 9.250 zieken) (Tabel 13.36). Specifiek aan roodvlees wordt 13% van de totale 3.300 DALY ziektelast van *Campylobacter* spp. geattribueerd (Figuur 13.5). Wild vormt geen onderdeel binnen de uitgevoerde attributieschattingen. Van de totale aan roodvlees geattribueerde ziektelast (1.600 DALY) wordt 26% aan *Campylobacter* spp. toegeschreven (Figuur 13.6) en van de zieken gaat het om 6% van het totaal aantal roodvlees-gerelateerde ziektegevallen (158.000 zieken). Binnen roodvlees vormt rund- en lamsvlees (86%) de belangrijkste bron van campylobacteriose (Lagerweij et al. (2020) aangepast op basis van Benincà et al. (2021)).

Binnen het ziektelastattributiemodel wordt geen onderscheid gemaakt tussen rund en schaa/lam als voedselbron. Die data zijn voor Nederland wel beschikbaar en vormen ook onderdeel van het aangepaste ziektelastattributiemodel. Deze attributie wordt gedaan op basis van overeenkomst in genetische eigenschappen van isolaten afkomstig van patiënten en isolaten uit verschillende blootstellingsbronnen (reservoirs). Vanuit het reservoir, bijvoorbeeld rund, bestaan verschillende blootstellingsroutes naar de mens, zoals direct diercontact, blootstelling via het milieu (met rundermest besmet oppervlaktewater, grond, via de lucht en cetera) en alle directe en indirecte voedselroutes (vlees, melk, besmette groenten (mest) et cetera). Dit model schat in dat - wat betreft dieren uit de roodvleesketen - 12% van isolaten afkomstig van campylobacteriose-patiënten is toe te schrijven aan volwassen runderen, 7% aan kleine herkauwers (geit, schaa/p), 2% aan kalveren en minder dan 0,5% aan varkens. Pluimvee is echter het belangrijkste reservoir (48%) (Mughini-Gras et al., 2021). Het gaat hier niet alleen om blootstellingsroutes via eten van vlees van deze dieren, maar ook andere producten van deze dieren, zoals melk of met mest besmette groenten alsook de route via de omgeving (direct diercontact, contact met besmet oppervlaktewater, grond et cetera).

Het uitvoeren van een dergelijke attributiestudie is alleen mogelijk als naast de beschikbare isolaten uit voedsel (en dier, milieu) er ook *Campylobacter*-isolaten beschikbaar zijn van patiënten. In Nederland vindt echter geen standaard kiemsurveillance voor *Campylobacter* spp. plaats. Het invoeren van een dergelijke surveillance – in combinatie met het sequencen van isolaten van voedsel, dier en milieu – heeft meerwaarde om inzicht te krijgen welke bronnen (mogelijk tot op bedrijfsniveau) de oorzaak zijn van ziektegevallen en om diffuse uitbraken in beeld te krijgen.

Sinds mei 2021 wordt (op projectbasis) een sentinel kiemsurveillance van humane *Campylobacter*-isolaten uitgevoerd door het RIVM waarbij (een deel van) deze isolaten worden gesequenced voor clusteranalyse. Hieruit blijkt dat ongeveer de helft (55%) van de isolaten met tenminste een ander humaan-isolaat clusterde en dat er relatief veel kleine clusters zijn (kleinere besmettingsbronnen) naast een paar grotere clusters (>10 isolaten). Door het ontbreken van epidemiologische informatie en sequence-data van stammen uit voedsel of dieren is van deze clusters niet duidelijk wat de mogelijke bron is (Vlaanderen et al., 2022).

Beheersmaatregelen

Een effectieve beheersmaatregel is het goed verhitten van vlees voor consumptie en het toepassen van goede hygiëne tijdens de bereiding. Gegeven het feit dat niet al het roodvlees volledig gegaard wordt gegeten, wordt het grootste effect van maatregelen verwacht in de vroegste stadia van de keten, vooral als de besmettingsgraad bij dieren verlaagd kan worden (BuRO, 2015; Uiterwijk et al., 2018).

13.4.1.3 Risicokarakterisatie

- *Campylobacter* spp. veroorzaken in Nederland ziektegevallen en ziektelast. Geschat wordt dat het in 2019 73.000 ziektegevallen betrof, waarvan er 53 overleden. De totale ziektelast wordt geschat op 3.300 DALY, waarvan het geschatte aandeel van voedsel 55% bedraagt; hiervan wordt 23% toegeschreven aan roodvlees.
- De incidentie van campylobacteriose neemt de laatste 5 jaren licht af. De meeste ziektegevallen worden veroorzaakt door *C. jejuni* (88%), gevolgd door *C. coli* (10%).
- *Campylobacter* spp. worden aangetroffen bij alle landbouwhuisdieren in de roodvleesketen. Ook bij wild (zwijnen, hertachtigen, struisvogels) komt deze pathogeen voor.

- In Nederland komen binnen de roodvlees- en grofwildketen *Campylobacter* spp. op bedrijfsniveau het meest voor bij (melk)schape (96%), runderen (87%) en varkens (76%), gevolgd door (melk)geiten (36%). Er zijn geen gegevens over gehouden en vrij wild in Nederland, maar voor wild zwijn en hert in Europa wordt een prevalentie op dierniveau in de ordegrootte van 10-50% en respectievelijk hooguit 5% gerapporteerd.
- In de retail komen wat betreft roodvlees en wild *Campylobacter* spp. het meest voor op vers vlees (inclusief vleesbereidingen) van schaap en geit (circa 5-10%), gevolgd door lam en kalf (circa 2%) en rund en varken (circa 0,5%). De prevalentie van *Campylobacter* spp. op gehakt van lam lag in de ordegrootte van 5%. Van gehakt vlees van andere diersoorten zijn onvoldoende gegevens om daar een uitspraak over te doen.
- Bij runderen en kleine herkauwers betreffen de aangetroffen *Campylobacter* spp. voornamelijk *C. jejuni* (~100% respectievelijk ~75%) en bij varkens *C. coli* (~90%). Bij wilde zwijnen gaat het in mindere mate om *C. coli* (~10-50%) en *C. jejuni* (<5%).
- *Campylobacter* spp. overleven het proces van volledig garen van vlees niet.
- In Nederland worden – op grond van bronattributie - meer campylobacteriose-gevallen geattribueerd aan de categorie rund- en lamsvlees dan aan varkensvlees. Aan het reservoir rund wordt 14% van de humane campylobacteriose-gevallen geattribueerd (12% volwassen runderen, 2% kalveren), aan kleine herkauwers (schaap en geit) 7% en aan varkens minder dan 0,5%.
- Rundvlees is daarmee na pluimveevlees de belangrijkste alimentaire blootstellingsroute wat betreft het oplopen van campylobacteriose.
- Lams- en geitenvlees vormen op populatieniveau geen belangrijke blootstellingsroute, vanwege de beperkte consumptie. Dit geldt ook voor vlees van paard, wild zwijn, hert en struisvogel.

Campylobacter spp. worden beschouwd als relevant gevaar binnen de roodvlees- en grofwildketen voor vlees van varken, rund, schaap, geit, wild zwijn en struisvogel. Voor vlees van hertachtigen lijken *Campylobacter* spp. wel van belang, maar zijn er te weinig gegevens om hier een uitspraak over te doen. Humaan is met name *C. jejuni* van belang en *C. coli* in mindere mate. Op vlees van rund, schaap en geit komen *Campylobacter* spp. vaker voor dan op varkensvlees en daarnaast betreft dat vaker *C. jejuni* terwijl bij varkens vooral *C. coli* vóórkomt. Rundvlees wordt op populatieniveau meer gegeten dan vlees van kleine herkauwers, daarom vormt rundvlees de belangrijkste blootstellingsroute binnen de roodvleesketen. Echter, consumptie van vlees van kleine herkauwers lijkt op basis van de beschikbare gegevens mogelijk een minstens zo relevant risico te vormen met betrekking tot het oplopen van campylobacteriose als consumptie van rundvlees.

Consumptie van roodvlees en grofwild geeft een risico voor de volksgezondheid met betrekking tot *Campylobacter* spp. De ernst van campylobacteriose wordt gecategoriseerd als middelmatig (10-99 DALY/1.000 ziektegevallen). De blootstelling aan een hoeveelheid *Campylobacter* (aantal infectieuze cellen) die relevant is voor de gezondheid (ziekteverwekkend) wordt voor vlees van rund/lam geschat als hoog (>2.000 cases/jaar, voor zowel vlees van rund als kleine herkauwers apart) en voor vlees van de andere diersoorten als laag (<2.000 cases per jaar). Er is op basis van beschikbare gegevens geen inschatting te maken van de kans op relevante blootstelling aan *Campylobacter* spp. voor subpopulaties met een hogere consumptie van lams- en geitenvlees.

13.4.2 *Listeria monocytogenes*

13.4.2.1 Gevarenkarakterisatie

Het geslacht *Listeria* behoort tot de familie van *Listeriaceae*. Van de verschillende *Listeria* spp. is *L. monocytogenes* de meest belangrijke met betrekking tot de volksgezondheid. *L. monocytogenes* veroorzaakt listeriose, een ziekte die zowel bij mens als dier vóórkomt. *L. monocytogenes* wordt onderverdeeld in serotypen, waarvan 1/2a, 1/2b en 4b het meest frequent in verband worden gebracht met humane ziektegevallen (US FDA, 2012; RIVM, 2016b).

Bij de meeste mensen verloopt een infectie met *L. monocytogenes* doorgaans zonder symptomen of zijn de symptomen beperkt tot milde griepverschijnselen (gastro-enteritis). Ernstige ziekteverschijnselen die door *L. monocytogenes* worden veroorzaakt zijn hersen- en hersenvliesontsteking, sepsis en abortus. Van de

patiënten met ernstige ziekteverschijnselen heeft het merendeel (>93%) last van ernstig onderliggend lijden en/of gebruikt immuunsuppressiva en/of maagzuurremmers, of het betreft een zwangerschap (ongeboren vrucht). De kans op sterfte bij deze kwetsbare groep is – ook bij optimale behandeling - hoog (>1:100) (van Kreijl et al., 2004) en lag de afgelopen jaren (2006-2019) in Nederland tussen 5-31% (Friesema et al., 2015; Friesema et al., 2016; Friesema et al., 2017a; Friesema et al., 2017b; Friesema et al., 2017c; Friesema et al., 2019b; Friesema et al., 2020b). In geval van zwangerschap gerelateerde listeriose ligt het risico voornamelijk bij de ongeboren vrucht. De moeder kan symptoomloos zijn, maar *L. monocytogenes* is in staat de moeder-kind barrière te passeren (verticale transmissie) en zo de kwetsbare vrucht bereiken (RIVM, 2016b).

Het aantal cellen dat nodig is om ziekte bij de mens te veroorzaken is niet precies bekend, maar ligt in orde van grootte van 1.000-100.000 cellen voor de meest gevoelige populatie (Farber et al., 1996; US FDA, 2012) en mogelijk nog iets lager (Pouillot et al., 2016). Geschat wordt dat 90% van de listeriose-gevallen wordt veroorzaakt door voedsel dat op het moment van consumptie meer dan 2.000 kve *L. monocytogenes/g* bevat (EFSA BIOHAZ Panel, 2018). In de meeste gevallen zal daarom groei van *L. monocytogenes* in het levensmiddel nodig zijn om ziekte bij de mens te veroorzaken.

Er zit een hoge mate van variatie in de virulentie en pathogeniciteit van de verschillende *L. monocytogenes* isolaten. De kans op ziekte na inname van een bepaalde hoeveelheid cellen van *L. monocytogenes* lijkt net zo veel af te hangen van de eigenschappen van de stam als van de gezondheidsstatus van de consument (EFSA BIOHAZ Panel, 2018).

Een verhoogde kans op infectie hebben zwangeren, foetussen, neonaten, ouderen (>65 jaar), immuungecompromiteerden (onder andere diabetes, hemolyse- en chemotherapiepatiënten). Een verhoogde kans op een ernstig beloop hebben zwangeren, ouderen (>65 jaar) en onder andere patiënten met diabetes of hartkleproblemen, nierziekten, mensen die maagzuurremmers of immuunsuppressiva slikken of een chemokuur volgen (RIVM, 2016b).

De uitgroei van *Listeria* kan plaatsvinden op velerlei producten. Doordat groei al vanaf 0 °C mogelijk is, is *L. monocytogenes* een van de weinige voedselpathogenen die kan uitgroeien in koelkasttemperatuur, zowel in een omgeving met als zonder zuurstof. Gekoelde opslag (koelkast) vertraagt alleen de groei, groei blijft dus mogelijk. Daarnaast is het een vrij resistente bacterie die onder verschillende moeilijke condities standhoudt (droge omgeving, hoog zoutgehalte) of zelfs groeit (hoge zout concentratie, lage pH) (Tabel 13.16). *L. monocytogenes* staat bekend om het vermogen biofilms (in de productieomgeving) te kunnen maken. Een biofilm is een microbiologisch systeem dat bestaat uit verschillende lagen van (verschillende) micro-organismen die op een oppervlak groeien (US FDA, 2012; EFSA BIOHAZ Panel, 2018; CDC, 2019).

13.4.2.2 Blootstellingsschatting

Besmettingsroute naar de mens

Besmetting van de mens vindt vooral via voedsel plaats (EFSA BIOHAZ Panel, 2018). Een andere route, die voor de roodvleesketen ook een rol speelt, is die via blootstelling aan besmet vruchtwater tijdens partushulp (Vlaanderen et al., 2020).

De kans op infectie na blootstelling aan een lage hoeveelheid cellen van *L. monocytogenes* is niet zo hoog als bij *Campylobacter*, *Salmonella* of STEC. Kruisbesmetting in de keuken speelt daarom een minder belangrijke rol bij *L. monocytogenes*, omdat altijd groei in het product moet plaatsvinden om hogere aantallen cellen te bereiken. In de koelkast heeft *L. monocytogenes* voordeel ten opzichte van andere bacteriën. Met name gekoelde kant-en-klare levensmiddelen met een wat langere houdbaarheid (>5 dagen), vormen een risico. Groei kan ook sneller optreden (Soderqvist et al., 2017) of de besmetting op einde productie kan al hoog genoeg zijn om tot ziekte bij de mens te leiden (EFSA & ECDC, 2018b).

Het is de inschatting van BuRO, op basis van de voedselconsumptiepeiling, dat kant-en-klare producten van roodvlees (met name vleeswaar) vooral zijn gemaakt van vlees van varken en rund en in mindere

mate van vlees van paard. Vlees van schaap, geit en grofwild zal bijna alleen als vers vlees worden gegeten. Kant-en-klare producten van roodvlees worden veel gegeten (zie 13.6.3.4 Consumptiegegevens). Hierdoor is de blootstelling aan deze producten hoog.

Aantreffen in de keten

L. monocytogenes kan worden aangetroffen bij dieren, planten, in grond en in water. Deze pathogeen komt in veel soorten omgevingen voor, zij het in lage aantallen (RIVM, 2016b; WFBR, 2018).

Listeriose komt vooral voor bij herkauwers (schapen, runderen, geiten) en in mindere mate bij varkens en paarden. Ook bij grofwild (onder andere herten) komt listeriose voor, zij het zelden (GD, 2022b; MSD, 2022; Vetlexicon, 2022). Hoewel dieren vaak symptomeloos drager zijn, veroorzaakt *L. monocytogenes* ernstige systemische infecties bij verschillende landbouwhuisdieren (RIVM, 2016b; GD, 2022b).

Dieren raken geïnfecteerd met *L. monocytogenes* via voer (onder andere kuilvoer) of via dier-op-dier contact (feco-orale route) (BuRO, 2019b; MSD, 2022). Dieren scheiden *L. monocytogenes* (langdurig) uit in hun mest (BuRO, 2017a; MSD, 2022). Bij grofwild komt listeriose zelden voor, maar ook in die gevallen komt de associatie met voer (bijvoeren, vraat uit buiten opgeslagen voer) voor (Pennsylvania Game Commission, 2022).

Hoewel *L. monocytogenes* vóórkomt bij het levende dier en dus op die manier de levensmiddelenketen in kan komen op het slachthuis, wordt nabesmetting vanuit de procesomgeving van kant-en-klare gekoelde producten als meest belangrijke blootstellingsroute voor de mens aan *L. monocytogenes* beschouwd. Introductie van *L. monocytogenes* in de procesomgeving kan daarbij afkomstig zijn van de grondstoffen (levend dier, het karkas(deel), het verse vlees). Andere introductieroutes in de procesomgeving zijn vanuit het milieu buiten de fabriek (dieren, grond, stof, water). Deze pathogeen kan goed overleven in de procesomgeving van de fabriek, vooral in biofilms. In biofilms hecht het micro-organisme zich aan apparatuur en instrumenten gebruikt in de productiefase, bijvoorbeeld snijapparatuur, om vandaar af producten te besmetten. Juist deze biofilm zorgt er voor dat deze toch al vrij resistente bacterie, nog ongevoeliger is voor allerlei omgevingsinvloeden. Ook zijn biofilms lastiger te verwijderen dan bacteriën die niet in een biofilm vóórkomen (Zomer et al., 2015; RIVM, 2016b; EFSA BIOHAZ Panel, 2018; Rodriguez-Lopez et al., 2018).

Juist omdat dit organisme op velerlei plaatsten vóórkomt, is het vrijwel onmogelijk deze pathogeen volledig te elimineren uit de procesomgeving. Verminderde aandacht voor hygiënisch werken zal echter tot een hogere besmettingsgraad kunnen leiden. Behalve een goede algemene hygiëne zijn er weinig specifieke maatregelen die het vóórkomen van *L. monocytogenes* op vlees kunnen voorkómen (Davies, 2011).

In de verschillende opinies die EFSA heeft uitgebracht met betrekking tot de vleeskeuring van karkassen van verschillende diersoorten wordt *L. monocytogenes* niet als relevant gevaar geïdentificeerd. De reden hiervoor is dat deze pathogeen normaliter alleen in verband wordt gebracht met kant-en-klare levensmiddelen met een wat langere bewaartijd bij koelkasttemperatuur, zodat groei van deze pathogeen kan plaatsvinden. Voor de keuring van karkassen speelt *L. monocytogenes* daarom geen rol (EFSA BIOHAZ Panel, 2011b;2013c;2013e;2013f;2013d).

Tabel 13.3 *Listeria monocytogenes* in de roodvleesketen. Data NVWA/WFSR (levensmiddelen: detectie in 25 g) en GD; 2015-2019.

| Ketenschakel | (n)K&K | Product | Diersoort | # Pos | # Totaal | % Pos | |
|----------------------|---------------------------------------|--|--|---------------|---------------|--------------|--------------|
| GD | | | | | | | |
| Boerderij | Nvt | Dier (pathologie)* | | 249 | 65.686 | 0,4% | |
| | | | Geit | 112 | 1.678 | 6,7% | |
| | | | Schaap | 76 | 1.907 | 4,0% | |
| | | | Rund | 56 | 12.700 | 0,4% | |
| | | | Rund (melk) | 5 | 37.554 | 0,0% | |
| | | | Varken | 0 | 4.874 | 0,0% | |
| | | | Big | 0 | 6.973 | 0,0% | |
| | Totaal GD | | 249 | 65.686 | 0,4% | | |
| NVWA | | | | | | | |
| Boerderij | Nvt | Dier (bedrijfsniveau) | | 83 | 389 | 21,3% | |
| | | | Rund (melkvee; feces) ^ε | 62 | 183 | 33,9% | |
| | | | Schaap (melkschaap; feces)* | 5 | 24 | 20,8% | |
| | | | Geit (melkgeit; feces)* | 16 | 182 | 8,8% | |
| Groothandel / opslag | Niet-K&K | Vers vlees | | 18 | 80 | 22,5% | |
| | | | Rund (import)** | 18 | 79 | 22,8% | |
| | | | Lam (import)** | 0 | 1 | | |
| Retail | Niet-K&K | Vers vlees (incl. vleesbereidingen) | | 116 | 1.330 | 8,7% | |
| | | | Geit | 1 | 2 | 50,0% | |
| | | | Lam | 8 | 24 | 33,3% | |
| | | | Rund | 102 | 1.164 | 8,8% | |
| | | | Varken | 5 | 80 | 6,3% | |
| | | | Kalf | 0 | 60 | 0,0% | |
| | | | Gehakt vlees (incl. vleesbereidingen) | | 2 | 5 | 40,0% |
| | | | Lam | 2 | 5 | 40,0% | |
| | | | Totaal niet-K&K | | 118 | 1.335 | 8,8% |
| | | K&K | Vleeswaar - rauw te consumeren | | 93 | 1.239 | 7,5% |
| | | | Vlees (gemengd) | 2 | 13 | 15,4% | |
| | | | Rund | 91 | 1.210 | 7,5% | |
| | | | Varken | 0 | 6 | 0,0% | |
| | | | Kalf | 0 | 7 | 0,0% | |
| | | | Onbekend | 0 | 2 | 0,0% | |
| | Paard | | 0 | 1 | 0,0% | | |
| | Vleeswaar - droge / gef. worst | | 3 | 61 | 4,9% | | |
| | Varken | | 2 | 28 | 7,1% | | |
| | Vlees (gemengd) | | 1 | 18 | 5,6% | | |
| | Onbekend | 0 | 8 | 0,0% | | | |
| | Rund | 0 | 7 | 0,0% | | | |
| | Vleeswaar | | 4 | 430 | 0,9% | | |
| | Rund | 1 | 53 | 1,9% | | | |
| | Varken | 3 | 351 | 0,9% | | | |
| | Vlees (gemengd) | 0 | 16 | 0,0% | | | |
| | Lam | 0 | 1 | 0,0% | | | |
| | Onbekend | 0 | 8 | 0,0% | | | |
| | Paard | 0 | 1 | 0,0% | | | |
| | Totaal K&K | | 100 | 1.730 | 5,8% | | |
| | Totaal NVWA | | 319 | 3.534 | 9,0% | | |

Pathologisch onderzoek, tenzij anders aangegeven

^ε Data uit 2020-2021, maar vanwege relevantie meegenomen in deze risicobeoordeling

* Data zoals gerapporteerd aan EFSA, deze wijken dankzij correctie af van data in RIVM rapportage (Opsteegh et al., 2018)

** Partijbemonstering (n=5 per partij)

Tabel 13.4 *Listeria monocytogenes* in de roodvleesketen. Data NVWA/WFSR (levensmiddelen: tellingen in kve/g); 2015-2019.

| (n)K&K ¹ | Product | Diersoort | Tellingsresultaat (kve/g) | | | # Totaal | % >100 kve/g |
|---------------------|--|--|---------------------------|-----------|----------|--------------|--------------|
| | | | ≤ 10 | 11-100 | 101-1000 | | |
| Niet-K&K | Vers vlees (incl. vleesbereidingen) | | 87 | | 1 | 88 | 1,1% |
| | | Geit | 1 | | | 1 | |
| | | Lam | 7 | | 1 | 8 | 12,5% |
| | | Varken | 79 | | | 79 | |
| | | Gehakt vlees (incl. vleesbereidingen) | 2 | | | 2 | 0,0% |
| | | Lam | 2 | | | 2 | |
| | Totaal niet-K&K | | 89 | | 1 | 90 | 1,1% |
| K&K | Vleeswaar - rauw te consumeren | | 844 | 10 | 2 | 856 | 0,2% |
| | | Kalf | 6 | | | 6 | |
| | | Rund | 826 | 10 | 2 | 838 | 0,2% |
| | | Varken | 2 | | | 2 | |
| | | Vlees (gemengd) | 10 | | | 10 | |
| | | Vleeswaar - droge / gef. worst | 62 | | | 62 | 0,0% |
| | | Varken | 28 | | | 28 | |
| | | Vlees (gemengd) | 18 | | | 18 | |
| | | Onbekend | 8 | | | 8 | |
| | | Rund | 8 | | | 8 | |
| | | Vleeswaar | 429 | | | 429 | 0,0% |
| | | Rund | 56 | | | 56 | |
| | | Varken | 350 | | | 350 | |
| | | Vlees (gemengd) | 14 | | | 14 | |
| | | Lam | | | | | |
| | Onbekend | 7 | | | 7 | | |
| | Paard | 2 | | | 2 | | |
| | Totaal K&K | | 1.335 | 10 | 2 | 1.347 | 0,1% |
| | Totaal NVWA | | 1.424 | 10 | 3 | 1.437 | 0,2% |

¹: K&K is kant-en-klaar

Tabel 14.5 *Listeria monocytogenes* in de roodvleesketen: uitsplitsing vleeswaar – rauw te consumeren. Data NVWA/WFSR (levensmiddelen: detectie in 25 g); 2015-2019.

| Product | Product | # Positief | # Totaal | % Positief |
|--------------------------------|---------------|------------|--------------|-------------|
| Vleeswaar - rauw te consumeren | Gehakt vlees | 87 | 968 | 9,0% |
| | Vers vlees | 6 | 271 | 2,2% |
| | Totaal | 93 | 1.239 | 7,5% |

Tabel 14.6 *Listeria monocytogenes* in de grofwildketen. Data NVWA/WFSR (levensmiddelen: detectie in 25 g); 2015-2019.

| Product | Diersoort | # Positief | # Totaal | % Positief |
|------------|---------------|------------|-----------|-------------|
| Vers vlees | Struisvogel | 3 | 26 | 11,5% |
| | Kangoeroe | 1 | 29 | 3,4% |
| | Lama | 0 | 3 | 0,0% |
| | Zebra | 0 | 7 | 0,0% |
| | Buffel | 0 | 1 | 0,0% |
| | Bizon | 0 | 8 | 0,0% |
| | Hert | 0 | 1 | 0,0% |
| | Krokodil | 0 | 10 | 0,0% |
| | Totaal | 4 | 85 | 4,7% |

Varken

L. monocytogenes komt wijdverbreid in de omgeving voor, maar in de huidige intensieve varkenshouderij wordt listeriose bij varkens niet of nauwelijks meer waargenomen. Mogelijk dat varkens die een vrije uitloop (biologische veehouderij) hebben, wel een risico lopen op infectie (GD, 2022b). Varkens overlijden vrij snel (4 dagen) aan listeriose (MSD, 2022). In de periode 2015-2019 werd echter geen *L. monocytogenes* aangetroffen in het pathologisch onderzoek (circa 4.900 varkens en circa 7.000 biggen) dat door de GD werd uitgevoerd (Tabel 13.3, Tabel 13.20).

In de surveillance van zoönosen bij landbouwhuisdieren werden in 2013 vleesvarkensbedrijven in Nederland onderzocht (Zomer et al., 2014). Hierbij werd geen onderzoek gedaan naar *L. monocytogenes*. Dit zelfde geldt voor een vergelijkbaar onderzoek uitgevoerd in 2019 (Tabel 13.3). In de EU werd in 2019 *L. monocytogenes* aangetroffen bij varkens (0,3%; circa 600 dieren) (EFSA & ECDC, 2021b).

De NVWA onderzocht in de periode 2015-2019 zowel vers varkensvlees als verschillende soorten kant-en-klare vleesproducten afkomstig uit de retail. Zowel op vers vlees (6%; circa 80 monsters) als op gedroogde en/of gefermenteerde worst (7%; circa 30 monsters) als vleeswaar (1%; circa 350 monsters) werd *L. monocytogenes* aangetroffen (Tabel 13.3). Dit was in hoeveelheden van minder dan 10 kve/g (Tabel 13.4).

In de EU werden in 2019 de volgende prevalenties van *L. monocytogenes* op vleeswaar gemaakt van varkensvlees waargenomen: rauw te consumeren vleesbereidingen – 17% (circa 350 monsters), rauw te consumeren vleesproducten – 19% (circa 1.450 monsters), gedroogde en/of gefermenteerde worst – 9% (circa 200 monsters), vleesproducten (gekookt, paté, ongespecificeerd) – 1% (circa 27.000 monsters). Kwantitatieve gegevens (tellingen) zijn minder goed te ontsluiten. Van de circa 2.800 monsters vleesproduct (geen verdere opsplitsing in type product) die met de telmethode zijn onderzocht kwam 0,5% boven de norm van 100 kve/g uit (EFSA & ECDC, 2021b).

Niet-kant-en-klare vlees (vers vlees, gehakt vlees, vleesbereiding) wordt amper onderzocht op EU-niveau. In 2019 werden circa 50 monsters gemengd vlees onderzocht (gehakt vlees, vleesbereiding) op aanwezigheid van *L. monocytogenes*, 12% bleek positief (EFSA & ECDC, 2021b).

In de periode 2015-2019 werden 60 meldingen over het aantreffen van *L. monocytogenes* op varkensvlees en varkensvleesproducten genotificeerd in RASFF. Het betrof naast een beperkt aantal meldingen over vers vlees (n=3), gehaktvlees & vleesbereidingen (n=1), gedroogde en/of gefermenteerde worst (n=3) voornamelijk vleesproducten (n=53). Daarnaast werden 2 uitbraken met betrekking tot de consumptie van varkensvleesproducten genotificeerd (Tabel 13.27, Tabel 13.28).

Rund

In de surveillance van zoönosen bij landbouwhuisdieren werden in 2017 vleesveebedrijven (Cuperus et al., 2019) en in 2019-2020 183 melkveebedrijven bezocht (Cuperus et al., 2022). Bij het onderzoek op vleesveebedrijven werd niet naar *L. monocytogenes* gekeken. Bij melkvee werd bij 34% van de onderzochte bedrijven *L. monocytogenes* aangetroffen in de mest (Tabel 13.3, Tabel 13.21).

In het pathologisch onderzoek van de GD werd bij 0,4% van de onderzochte kadavers (circa 12.700 dieren) *L. monocytogenes* aangetroffen. In de onderzochte monsters tankmelk (circa 37.500 monsters) werd nauwelijks (0,01%) *L. monocytogenes* aangetoond (Tabel 13.3).

In de EU (2019) werd bij 0,2% van de onderzochte dieren (rundvee; circa 14.300 dieren) *L. monocytogenes* aangetroffen (EFSA & ECDC, 2021b).

Op partijen vers rundvlees (import; herkomst Oceanië, Noord- en Zuid-Amerika; circa 80 partijen) trof de NVWA in de periode 2015-2019 in bijna een kwart (23%) *L. monocytogenes* aan. Op vers rund- en kalfsvlees uit de retail was dat 8% (circa 1.200 monsters) (Tabel 13.3).

Op rauw te consumeren vleeswaar werd *L. monocytogenes* in 7,5% van de onderzochte monsters in de periode 2015-2019 (circa 1.200 monsters) aangetroffen (Tabel 13.3). Wanneer onderscheid wordt gemaakt op type product, dan blijkt dat op producten als filet americain, ossenworst en tartaar (vleesbereidingen van gehakt vlees) *L. monocytogenes* vaker (9%; circa 1.000 monsters) vóórkomt dan op producten als carpaccio (vleesbereiding van vers vlees: 2%; circa 300 monsters) (Tabel 13.5). In 12 van deze producten (circa 800 onderzocht) werden telbare hoeveelheden (>10 kve/g) *L. monocytogenes* aangetroffen (1 maal vers vlees, 11 maal gehakt vlees), in twee daarvan (0,2%) was dit boven de norm (>100 kve/g; beiden gehakt vlees) (Tabel 13.4). Op EU-niveau werden vergelijkbare prevalenties waargenomen in 2019. In rauw te consumeren rundvlees (vleesbereiding, gehakt vlees) was dit 7% (circa 750 monsters), met een uitsplitsing naar gehakt vlees (10%; circa 300 monsters) en vleesbereiding (5%; circa 450 monsters) (EFSA & ECDC, 2021b).

Op vleeswaar (gegaard vleesproduct) was de waargenomen prevalentie van *L. monocytogenes* 2% (circa 50 monsters). In geen van de monsters werden telbare hoeveelheden *L. monocytogenes* aangetroffen (<10 kve/g) (Tabel 13.3, Tabel 13.4). In de EU werd in 2019 een prevalentie van 0,2% waargenomen (kant-en-klaar vleesproduct; circa 1.100 monsters). Tellingen lijken alleen beschikbaar voor circa 30 monsters (vleesproduct, geen verdere specificaties), waarvan één (3%) positief (EFSA & ECDC, 2021b).

In de periode 2015-2019 werden 31 meldingen over het aantreffen van *L. monocytogenes* op rundvlees en rundvleesproducten genotificeerd in RASFF. Het betrof voornamelijk meldingen over vers vlees (n=13) en rauw te consumeren gehaktvlees & vleesbereidingen (n=13). Daarnaast was er één melding over gehakt vlees & vleesbereiding en waren er 4 meldingen over rundvleesproducten (Tabel 13.27, Tabel 13.28).

Kleine herkauwers

In de surveillance van zoönosen bij landbouwhuisdieren werd in 2016 bij 182 melkgeitbedrijven en 24 melkschaapbedrijven in Nederland onderzoek gedaan naar het vóórkomen van *L. monocytogenes* (mestonderzoek). Bij 9% van de melkgeitenbedrijf werd *L. monocytogenes* aangetroffen, bij melkschapen werd een bedrijfsprevalentie van 21% waargenomen (Opsteegh et al., 2018).

In het pathologisch onderzoek uitgevoerd door de GD werd bij 7% van de onderzochte geiten (circa 1.700 dieren) en 4% van de schapen (circa 1.900 dieren) *L. monocytogenes* aangetroffen (Tabel 13.3, Tabel 13.22, Tabel 13.23).

De prevalentie van *L. monocytogenes* bij schapen in de EU (2019) bedroeg 2% (circa 1800 dieren), voor geiten was dat 7% (circa 150 dieren). Op kudde / bedrijfsniveau was dat 2% (circa 100 kuddes / bedrijven) (EFSA & ECDC, 2021b).

Op het verse lamvlees uit de Nederlandse retail dat op *L. monocytogenes* (2015-2019) werd onderzocht (circa 25 monsters) werd deze pathogeen aangetroffen (33%) (Tabel 13.3). In 10 van deze monsters werd een telling gedaan van *L. monocytogenes*, waarbij één monster meer dan 100 kve/g bevatte (Tabel 13.4). Van vers geitenvlees werden 2 monsters onderzocht, waarvan één positief. Er werden nauwelijks (<5) kant-en-klare levensmiddelen van geiten- of schapenvlees onderzocht (Tabel 13.3).

In de hele periode 2004-2019 werden bij EFSA weinig monsters (<150) kant-en-klare levensmiddelen per diersoort onderzocht van schaap, geit, paard, hert, wild zwijn en wild (vrij en gehouden). Het lijkt er op dat vlees van deze diersoorten vooral als vers vlees wordt verkocht en niet als kant-en-klaar levensmiddel (EFSA & ECDC, 2021b).

In de periode 2015-2019 werd één melding over het aantreffen van *L. monocytogenes* op vlees en vleesproducten van kleine herkauwers genotificeerd in RASFF. Het betrof een melding over vers schapenvlees (Tabel 13.27, Tabel 13.28).

Paarden

Ook bij paarden komt listeriose voor en kan *L. monocytogenes* in hun mest worden aangetroffen, al is de aandoening zeldzaam (Gudmundsdottir et al., 2004; Hines, 2007; Hirz et al., 2020). Er werden in de EU in 2019 14 paarden (paard, ezel) onderzocht op *L. monocytogenes*, waarbij 1 dier positief werd getest (EFSA & ECDC, 2021b).

In de periode 2015-2019 werd één melding over het aantreffen van *L. monocytogenes* op vlees en vleesproducten van paarden genotificeerd in RASFF. Het betrof een melding over vers paardenvlees (Tabel 13.27, Tabel 13.28).

Wild zwijn

In 2019 werden op EU-niveau minder dan 10 wilde zwijnen onderzocht op *L. monocytogenes*. Er werd geen *L. monocytogenes* bij deze dieren aangetroffen (EFSA & ECDC, 2021b). In de periode 2015-2019 werd geen melding over het aantreffen van *L. monocytogenes* op vlees en vleesproducten van wild zwijn genotificeerd in RASFF (Tabel 13.29). Uit in de literatuur gerapporteerde studies blijkt dat *L. monocytogenes* wel wordt aangetroffen bij wilde zwijnen, waarbij prevalenties worden gevonden van 2% (Hayashidani et al., 2002), 24% (met name in tonsillen, niet altijd in de mest) (Weindl et al., 2016) en 41% (tonsillen; niet in de mest) (Palacios-Gorba et al., 2021).

Hertachtigen

Uit de EFSA rapportage (2019) blijkt dat *L. monocytogenes* vóórkomt bij herten (15%, circa 20 monsters) (EFSA & ECDC, 2021b). Ook in andere publicaties wordt melding gemaakt dat *L. monocytogenes* kan worden aangetroffen bij wilde herten (onder andere tonsillen, rumeninhoud), waarbij de mest niet altijd positief is. Prevalenties die genoemd worden liggen tussen de circa 40-45% (Weindl et al., 2016; Palacios-Gorba et al., 2021) of gaan over listeriose bij hertachtigen (Welchman et al., 1997; Tham et al., 1999).

In de periode 2015-2019 werd geen melding over het aantreffen van *L. monocytogenes* op vlees en vleesproducten van hertachtigen genotificeerd in RASFF (Tabel 13.29).

Overige diersoorten

In de periode 2015-2019 onderzocht de NVWA 85 partijen vers vlees van exotische dieren. *L. monocytogenes* werd aangetroffen bij struisvogel (12%; circa 25 monsters) en kangoeroe (3%; circa 30 monsters) (Tabel 13.6).

In de periode 2015-2019 werd geen melding over het aantreffen van *L. monocytogenes* op vlees en vleesproducten van overige (exotische) dieren genotificeerd in RASFF (Tabel 13.29).

Ziektegevallen en ziektelast

Ziektegevallen en uitbraken

Listeriose is in Nederland een meldingsplichtige ziekte (Tabel 13.37) en er vindt actieve laboratorium surveillance plaats. In Nederland werden in 2019 117 listeriose-patiënten geregistreerd, wat overeenkomt met een incidentie van 6,8 ziektegevallen per miljoen inwoners (Friesema et al., 2020b). In de periode 2015-2019 fluctueerde het aantal geregistreerde patiënten sterk (72-117 patiënten). Wanneer naar de incidentie over een langere periode wordt gekeken, neemt deze vanaf 2008 in lichte mate toe (Friesema et al., 2020b) van ongeveer 4,5 naar 6,0 ziektegevallen per miljoen inwoners. Listeriose beperkt zich met name tot een risicogroep, waarbij door onder andere de vergrijzing deze groep niet alleen absoluut, maar ook relatief toeneemt. Onduidelijk is wat de incidentie in deze risicopopulatie is en of deze toe- of afneemt. Hoewel dit beter inzicht geeft in het effect van maatregelen, laat dit onverlet dat er een stijging zit in het aantal listeriose-gevallen.

Van de niet-zwangerschap gerelateerde patiënten heeft het merendeel (>96%) onderliggend lijden (kanker, hart- en vaatziekten, diabetes, nierziekten) en/of slikt medicijnen (maagzuurremmers, immunosuppressiva). De incidentie neemt toe met de leeftijd (>65 jaar) (Vlaanderen et al., 2020).

In de periode 2006-2019 werden 11 listeriose-uitbraken geregistreerd in Nederland, waarvan 9 met een bekende voedselbron (Tabel 13.31). Twee (22%) hiervan werden veroorzaakt door consumptie van roodvlees (Tabel 13.32). Het betrof een uitbraak waarbij shoarmavlees de oorzaak was (3 zieken) en een uitbraak door vleeswaren (35 zieken) (Friesema et al., 2019a; Friesema et al., 2020b; Vlaanderen et al., 2020). Van de door roodvlees veroorzaakte uitbraken (n=32) werd daarmee 6% veroorzaakt door *L. monocytogenes*.

De uitbraak door vleeswaren kon op basis van whole genome sequencing van zowel patiënt-isolaten (RIVM) als voedsel-isolaten (WFSR) en door traceringsonderzoek retrospectief worden toegeschreven aan de bron. Het bleek om een meerjarige uitbraak (januari 2017 – augustus 2019) te gaan die werd veroorzaakt door meerdere typen *L. monocytogenes*. Het betrof verschillende soorten vleeswaren, waaronder rund- en varkensvleesproducten, afkomstig van dezelfde productielocatie. De oorzaak was een algemene besmetting van de productieomgeving ontstaan door gebrek aan goede reiniging en desinfectie (Friesema et al., 2020b; NVWA, 2021). Het bedrijf is uiteindelijk gesloten. Het gebruik van op NGS (next generation sequencing) gebaseerde technieken draagt bij aan het waarnemen van uitbraken binnen het geheel aan gerapporteerde ziektegevallen. Dit geldt zeker voor *L. monocytogenes* waar de oude typeringsmethode (PFGE: pulsed field gel elektroforese) geen goed onderscheid bleek te maken (NVWA, 2021). Door het beter, en in dit geval ook sneller, opsporen van gerelateerde ziektegevallen is het mogelijk om een geïdentificeerde bron uit te schakelen (terugroepactie besmette producten, voorkómen van nieuwe besmette producten). Dit heeft secundaire preventie tot gevolg, i.e. geen nieuwe ziektegevallen. In de periode 2015-2019 waren in de EU in totaal 32 aan voedsel gerelateerde uitbraken van *L. monocytogenes*, met 693 zieken, 315 ziekenhuisopnames en 39 overlijdensgevallen. Hiervan werden 11 (34%) uitbraken toegeschreven aan roodvlees: 1 aan rundvlees(producten), 3 aan varkensvlees-producten) en 7 aan andere of gemengde roodvlees(producten) (Tabel 13.33). Ook in de periode daarvoor (2008-2015) was het aandeel dat vlees en vleesproducten hadden in het totaal aantal listeriose-uitbraken vergelijkbaar (29%) (EFSA BIOHAZ Panel, 2018). De 11 uitbraken van *L. monocytogenes* in 2015-2019 representeerden 2% van de 500 uitbraken gerelateerd aan roodvlees (Tabel 13.34).

In de EU nam in de periode 2009-2013 het aantal listeriose-gevallen toe. De trend was stabiel over de periode 2015-2019, na een lange periode van stijgende trend daaraan voorafgaand. EFSA deed onderzoek naar die stijgende trend (2009-2013) en concludeerde dat deze vooral veroorzaakt werd doordat zowel de populatie ouderen (≥ 65 jaar) toeneemt, als dat binnen de groep van mensen ouder dan 45 jaar het aandeel van mensen dat gevoeliger is voor listeriose toeneemt. Dit laatste komt doordat mensen steeds minder vaak doodgaan aan ziekten (bijvoorbeeld kanker) en er dus meer mensen met onderliggend lijden bij komen (EFSA BIOHAZ Panel, 2018). Een andere risicofactor die werd opgemerkt is dat bij ouderen (≥ 65 jaar) het vaker vóórkomt (>10%) dat men niet veilig met het eten omgaat (te lang bewaren, te hoge koelkasttemperatuur) (EFSA BIOHAZ Panel, 2018).

Daarnaast lijkt het waarschijnlijk dat meer risicoproducten worden geconsumeerd, maar de data die EFSA hiervoor had was beperkt (EFSA BIOHAZ Panel, 2018). Onduidelijk is wat de bijdrage van de roodvleesketen hierin zal zijn. Immers, de meest risicovolle producten zijn die producten die na verhitting nog extra bewerking (snijden) ondergaan, met kans op nabesmetting, en niet meer verhit worden voor consumptie. Dit zijn niet alleen producten uit de roodvleesketen. Toename van consumptie van de risicovolle producten zou dan ter vervanging van minder risicovolle producten moeten zijn (uitgaande van het feit dat de geconsumeerde hoeveelheid hetzelfde blijft), zoals vers vlees (of vleesbereidingen) dat nog voor consumptie wordt verhit (warme maaltijd vervangen door kant-en-klare koude gerechten). Het is niet duidelijk wat er dan zal verschuiven en of dat binnen de roodvleesketen is of meer tussen de verschillende levensmiddelen categorieën onderling (roodvlees, plantaardig, samengesteld et cetera). Voor deze risicobeoordeling is daar geen onderzoek naar gedaan.

Ziekteelastschattingen en bronattributie

In 2019 werden 117 listeriose patiënten waargenomen, waarvan 16 overleden. In vier gevallen betrof het zwangerschap-gerelateerde listeriose (geen overlijdensgevallen). Er vindt geen verdere schatting plaats om te corrigeren voor onderrapportage. Er wordt vanuit gegaan dat alle listeriose-gevallen worden waargenomen. De ziekteelast wordt geschat op 180 DALY met € 4 miljoen (4% discontering) aan kosten voor de samenleving voor dat jaar (Lagerweij et al., 2020).

De gemiddelde ziekteelast van listeriose werd in 2019 geschat op 10 DALY per perinatale infectie (zwangerschap gerelateerd) en op 1,3 DALY voor een niet-perinatale listeriose ziektegeval (Lagerweij et al., 2020).

Om te schatten welk aandeel van de ziektegevallen – en dus van de ziekteelast - aan de verschillende blootstellingsroutes kan worden toegeschreven, wordt bronattributie gebruikt. Bronattributie schat dat in 2019 78% (140 DALY) van de ziekteelast van listeriose aan voedsel kan worden toegeschreven. Binnen deze 140 DALY aan voedsel geattribueerde ziekteelast van *L. monocytogenes* is het aandeel van roodvlees (rund/lam, varken) afgerond 12% (17 DALY, 11 ziekten) (Tabel 13.36). Specifiek aan roodvlees wordt 9% van de totale 180 DALY ziekteelast van *L. monocytogenes* geattribueerd (Figuur 13.5). Grofwild vormt geen onderdeel binnen de uitgevoerde attributieschattingen. Van de totale aan roodvlees geattribueerde ziekteelast (1.600 DALY) wordt 1% aan *L. monocytogenes* toegeschreven (Figuur 13.6) en van het totaal aantal roodvlees-gerelateerde ziektegevallen (158.000 ziekten) is het aandeel voor *L. monocytogenes* afgerond 0%. Binnen roodvlees is het aandeel van rund- en lamsvlees afgerond gelijk aan dat van varkensvlees (Lagerweij et al. (2020) aangepast op basis van Benincà et al. (2021)).

Opgemerkt dient te worden dat in tegenstelling tot andere zoönoseverwekkers *L. monocytogenes* niet zo zeer aan een dierreservoir kan worden toegeschreven, juist omdat deze pathogeen vaak door nabesmetting op een product komt (EFSA BIOHAZ Panel, 2018). De listeriose-uitbraak in Nederland die werd veroorzaakt door vleeswaren – waarbij 35 patiënten waren betrokken in de periode 2017-2019 - is hier een goed voorbeeld van (Friesema et al., 2020b). Vanuit de productieomgeving werd vleeswaar, gemaakt van vlees van verschillende diersoorten, besmet. De originele bron is mogelijk van één diersoort afkomstig (of een andere bron), maar de blootstelling gaat via producten van meerdere diersoorten. Attributie naar één reservoir is daarmee niet (goed) mogelijk. De bron van besmetting is eerder een productielocatie dan dat het een specifiek “reservoir” (diersoort, milieu, mens) zal zijn (Coipan et al., 2023).

In 2010-2011 werd in de EU een baselinestudie uitgevoerd naar het vóórkomen van *L. monocytogenes* in risicovolle kant-en-klare producten, zijnde gekookte vleesproducten, gerookte vis en *gravad lax* en zachte en half harde kazen. Deze producten worden het vaakst in verband gebracht met uitbraken. *L. monocytogenes* kwam vaker in de visproducten voor (10%) en ook vaker over de norm (2%) dan in de vleesproducten (2% respectievelijk 0,4%). Echter, de consumptie van vleeswaar ligt veel hoger. Daardoor werd geschat dat van de onderzochte producten in de baselinestudie gekookte vleesproducten en worst de meeste ziektegevallen zullen veroorzaken (EFSA BIOHAZ Panel, 2018).

Beheersmaatregelen

Beheersing van het risico van *L. monocytogenes* op kant-en-klare vleeswaar ligt naast het voorkómen van besmetting, in het voorkómen van uitgroei gedurende de houdbaarheidstermijn. De vaststelling van de houdbaarheidstermijn van dit soort risicovolle producten dient daarom gebaseerd te zijn op voedselveiligheid. Hiervoor dienen studies uitgevoerd te worden conform vastgestelde regelgeving (VMC).

Beheersing van de temperatuur (<4,5 °C) in de hele keten en bijvoorbeeld een korte bewaartermijn bij de consument (<7 dagen) zijn effectieve beheersmaatregelen wat betreft het risico van deze pathogeen (EFSA BIOHAZ Panel, 2018). De consument draagt deels zelf bij aan het risico door het gebruik van een te hoge koelkasttemperatuur. De beheersing van het grootste deel (63%) van het aantal listeriose-gevallen ligt echter in de keten vóór de consument (EFSA BIOHAZ Panel, 2018). Voor de gevoelige populatie is het echter raadzaam om verstandig om te gaan met het gebruik van risicovolle producten, zoals (rauw te consumeren) vleeswaar (zie website Voedingscentrum).

13.4.2.3 Risicokarakterisatie

- *L. monocytogenes* veroorzaakt in Nederland ziektegevallen en ziektelast. Geschat wordt dat het in 2019 117 ziektegevallen betrof, waarvan er 16 overleden. De totale ziektelast wordt geschat op 180 DALY, waarvan het geschatte aandeel van voedsel 78% bedraagt; hiervan wordt 12% toegeschreven aan roodvlees.
- De incidentie neemt de laatste 15 jaar licht toe.
- Bij de meeste mensen verloopt een infectie met *L. monocytogenes* symptomeloos. Ernstige ziektegevallen komen vooral voor bij zwangeren en ouderen (>65 jaar). Het toenemen van de groep ouderen (>65 jaar) en het aantal mensen met onderliggend lijden / gebruik van bepaalde medicijnen (>45 jaar) levert de grootste bijdrage aan het toenemen van de incidentie van gevallen met ernstige listeriose. Daarnaast kan de toename in de consumptie van kant-en-klare levensmiddelen een rol spelen. Onduidelijk is wat de bijdrage van roodvlees hierin is.
- Kant-en-klare gekoelde levensmiddelen vormen de belangrijkste bron van blootstelling aan *L. monocytogenes* voor de mens. Besmetting van het product vindt voornamelijk plaats tijdens de productie vanuit de procesomgeving.
- Herkauwers zijn het meest gevoelig voor *L. monocytogenes*. Deze pathogeen wordt dan ook vooral bij schapen, geiten en runderen aangetroffen en in mindere mate bij varkens en paarden. Ook bij wilde herkauwers (herten) en wilde zwijnen komt deze pathogeen voor.
- Op vers vlees (rund, varken, geit, schaap) komt *L. monocytogenes* geregeld voor, en ook op vlees van rund en varken in eenzelfde orde van grootte (5-10%). Gegevens over vlees van geit en schaap zijn minder betrouwbaar, maar de prevalentie ligt waarschijnlijk hoger (>30%).
- *L. monocytogenes* overleeft het proces van volledig garen van vlees niet.
- Kant-en-klare producten van roodvlees (met name vleeswaar) zijn vooral gemaakt van varken en rund en in kleine hoeveelheden van paard. Vlees van schaap, geit en grofwild wordt bijna alleen als vers vlees verkocht.
- Op kant-en-klare levensmiddelen gemaakt van roodvlees komt *L. monocytogenes* het vaakst voor in rauw te consumeren vleeswaar (7,5%), gevolgd door gedroogde en/of gefermenteerde worst (5%) en vleeswaar (meestal verhit; 1%). Van rauw te consumeren vleeswaar zijn de soorten gemaakt van gehakt vlees het meest frequent besmet (9%), waarbij de norm soms (0,2%) wordt overschreden.
- *L. monocytogenes* kan uitgroeien bij koelkasttemperatuur. Een lagere temperatuur vertraagt de uitgroei. Vleeswaar dient daarom gedurende de houdbaarheidstermijn gekoeld te worden bewaard (liefst <4,5 °C).
- Van evident belang is dat hierbij de houdbaarheidstermijn adequaat moet zijn vastgesteld door de producent.
- Kant-en-klare producten van roodvlees worden veel gegeten. Hierdoor is de blootstelling aan deze producten hoog. Geschat wordt dat deze producten (ten opzichte van de risicoproducten gerookte vis en zachte kaas) de belangrijkste blootstellingsroute zijn voor de populatie in de EU.
- Geschat wordt dat 90% van de listeriose-gevallen wordt veroorzaakt door voedsel dat op het moment van consumptie meer dan 2.000 kve *L. monocytogenes* /g bevat.

- De kans op ziekte na inname van een bepaalde hoeveelheid cellen van *L. monocytogenes* wordt beïnvloed door de gezondheidsstatus (onder andere leeftijd, onderliggend lijden, medicijngebruik) van de consument.
- Consumptie van producten die frequent besmet zijn met *L. monocytogenes* (rauw te consumeren vleeswaar) moet door de risicogroep daarom zo veel als mogelijk worden vermeden.
- Ingebruikname van WGS als typeringsmethode voor *L. monocytogenes* door NVWA (laboratorium WFSR) en RIVM leidt tot betere opsporing van actieve listeriose-uitbraken ten opzichte van de oude methode. Dit heeft op populatieniveau effect op de duur van blootstelling aan risicovolle producten en zal bijdrage aan het voorkómen van extra ziektegevallen.

L. monocytogenes is een relevant gevaar voor koelverse kant-en-klare levensmiddelen. *L. monocytogenes* veroorzaakt in de EU en Nederland bewezen ziektegevallen veroorzaakt door consumptie van dergelijke levensmiddelen uit de roodvleesketen. Vleeswaar vormt (in de EU) zeer waarschijnlijk de belangrijkste bron van listeriose voor de mens. De besmetting (het gevaar) is voornamelijk afkomstig van nabesmetting (be- en verwerking), maar de oorzaak (het risico) is consumptie van producten met hoge concentraties *L. monocytogenes* door de risicogroep. Voor koelverse kant-en-klare levensmiddelen uit de grofwildketen geldt hetzelfde als die uit de roodvleesketen. Het ontbreekt echter aan gegevens over deze producten.

Consumptie van vleeswaar gemaakt van roodvlees geeft een risico voor de volksgezondheid met betrekking tot *L. monocytogenes*. De ernst van listeriose wordt gecategoriseerd als heel hoog (>999 DALY/1.000 ziektegevallen). Dit geldt voornamelijk voor ernstige infecties, welke met name optreden in de risicogroep (zwangeren, ouderen, mensen met verlaagde afweer). De kans op blootstelling aan een hoeveelheid *L. monocytogenes* (infectieuze cellen) die relevant is voor de gezondheid (ernstige listeriose) wordt voor vleeswaar (verhit vleesproduct, rauw te consumeren vleeswaar; rund en varken) geschat als laag (<2.000 cases/jaar).

13.4.3 Salmonella

13.4.3.1 Gevarencarakterisatie

Salmonella behoort tot de familie van *Enterobacteriaceae*. Het geslacht *Salmonella* bestaat uit twee soorten, *Salmonella enterica* en *Salmonella bongori*. Binnen de soorten is een onderverdeling in subsoorten (subsp.) en serovars. Er zijn meer dan 2.600 serovars bekend binnen de soort *S. enterica*. De meeste *Salmonellae* die bij de mens en warmbloedige dieren ziekte veroorzaken behoren tot *Salmonella enterica* subsp. *enterica* groep. Daar waar in deze risicobeoordeling *Salmonella* wordt gebruikt, worden serovars behorend tot de *Salmonella enterica* subsp. *enterica* groep bedoeld.

Salmonella veroorzaakt bij de mens buiktyfus, paratyfus en salmonellose. Buiktyfus en paratyfus worden veroorzaakt door de typhoidale *S. enterica*-serovars *S. Typhi* en door *S. Paratyphi* A, B en C. De mens is (vrijwel) het enige reservoir van deze serovars (RIVM, 2001;2006b; US FDA, 2012). In deze risicobeoordeling worden de typhoidale *S. enterica*-serovars buiten beschouwing gelaten. De reden is dat buik- en paratyfus weinig vóórkomt in Nederland en vooral een importziekte is.

Salmonellose wordt door alle andere typen *Salmonella* veroorzaakt. Ziekteverschijnselen van een salmonellose zijn mild (gastro-enteritis, reactieve artritis) tot ernstig (bacteriëmie), maar ook chronische klachten komen voor (Prikkelbare Darm Syndroom en in mindere mate inflammatoire darmziekte). De kans op sterfte bij optimale behandeling is middelmatig (1:100-1:1.000) (van Kreijl et al., 2004; Bouwknecht et al., 2014).

Inname van een kleine hoeveelheid salmonella-kiemen kan al tot ziekte leiden, vooral in vettere producten (RIVM, 2006b; de Jonge & Aarts, 2010; US FDA, 2012). Groei in het product is daarmee niet noodzakelijk om ziekte bij de mens te veroorzaken (Tabel 13.16).

Risicogroepen met een verhoogde kans op infectie zijn onder andere mensen met verminderde maagzuursecretie (onder andere door medicijngebruik) of een verstoorde darmflora (door bijvoorbeeld antibioticagebruik) of met een zwak immuunsysteem (immuungecompromiteerd). Een kans op een

ernstig beloop van infectie hebben onder andere mensen ouder dan 50 jaar, immuungecompromitteerden, maar ook mensen met vaatwandafwijkingen of nier- of galstenen (RIVM, 2006b).

13.4.3.2 Blootstellingsschatting

Besmettingsroutes naar de mens

De mens loopt een salmonellose voornamelijk op via consumptie van besmet voedsel, maar ook door contact met huisdieren (onder andere vogels, reptielen) of via besmette oppervlakte. Besmetting van mens op mens speelt slechts een beperkte rol. *Salmonella* komt bij veel dieren voor. Levensmiddelen van dierlijke producten (vlees, eieren, rauwe melk) vormen daardoor een belangrijke besmettingsbron voor de mens. Ook kunnen groente en fruit besmet raken door mest van deze dieren. Daarnaast geldt in zijn algemeenheid dat elk levensmiddel door onhygiënisch werken tijdens de bereiding van voedsel via kruisbesmetting gecontamineerd kan raken met pathogenen, zoals onder andere *Salmonella* (RIVM, 2006b).

Aantreffen in de keten

Salmonella wordt aangetroffen in vrijwel alle milieus, in de darmen van dieren, in grond, maar ook in oppervlaktewater en in diervoeders (US FDA, 2012). Dieren lopen *Salmonella* op door contact met besmette feces (dier-op-dier contact (feco-orale route)). Als dieren besmet raken met *Salmonella*, zijn ze vaak symptoomloos drager. Bedrijven kunnen daardoor langere tijd, ongemerkt positief zijn voor *Salmonella*.

De serovars die humaan het belangrijkst zijn (top-5 humane typen: *S. Enteritidis*, *S. Typhimurium* inclusief de monofasische variant, *S. Infantis* en *S. Derby*) komen in meer of minder mate voor bij zowel rund als varken (EFSA & ECDC, 2021b).

Varken

Salmonella is door de EFSA aangemerkt als een gevaar met hoge prioriteit in het kader van de vleeskeuring van varkens (EFSA BIOHAZ Panel, 2011b). Ook binnen het toezichtskader van de NVWA en de GD heeft deze pathogeen-dier combinatie prioriteit. Er zijn gegevens beschikbaar door de hele keten heen (Tabel 13.7, Tabel 13.8, Tabel 13.20).

In 2013 werden in de surveillance van zoönosen bij landbouwhuisdieren 185 vleesvarkensbedrijven in Nederland onderzocht op het vóórkomen van verschillende pathogenen (mestonderzoek) (Zomer et al., 2014). Er werd op 30% van de bedrijven *Salmonella* aangetroffen. De serovars die het vaakst werden aangetroffen waren Derby en Typhimurium. Dit komt overeen met wat in de EU in 2019 werd gerapporteerd (voor zowel het dier als het vlees), waarbij binnen Typhimurium de monofasische variant het meest prevalent was (EFSA & ECDC, 2021b). In de periode 2000-2002 lag de *Salmonella*-prevalentie op bedrijfsniveau op Nederlandse varkensbedrijven tussen de 13-36%, waarbij de onderzoeksmethode (analyse-methode) en onderzoeksperiode (seizoen) ook varieerden, wat vergelijking lastig maakt (Bouwknegt et al., 2004).

In 2019-2020 werden 148 vleesvarkensbedrijven bezocht, waarbij op 9% van de bedrijven *Salmonella* werd aangetroffen (mestonderzoek) (Vlaanderen et al., 2021) (Tabel 13.7). In 2008 werd op EU-niveau een baselinestudie uitgevoerd naar het vóórkomen van *Salmonella* bij vermeerderingsbedrijven en vleesvarkens. De prevalentie in Nederland op bedrijfsniveau was toen 58% voor opfokbedrijven (109 bedrijven) en 56% voor vleesvarkensbedrijven (212 bedrijven). Nederland had toen respectievelijk de een-na-hoogste en de hoogste waargenomen prevalentie, het gemiddelde lag rond de 30% (EFSA, 2009). In 2001-2002 was de waargenomen prevalentie op kuddeniveau (mestonderzoek) in Nederland ook ongeveer 30% (153-157 bedrijven onderzocht) (Bouwknegt et al., 2004). Deze studies omvatten gegevens op bedrijfsniveau (fecesmonsters uit de stal), het is niet bekend wat de prevalentie in het koppel zelf is. In Nederland wordt onderzoek op dierniveau uitgevoerd door de GD door middel van bloedonderzoek. In de periode 2015-2019 werden bijna 190.000 bloedmonsters onderzocht, 38% van de dieren had antilichamen tegen *Salmonella* in het bloed. Dit houdt in dat de dieren ooit een *Salmonella*-infectie hebben gehad.

Tabel 13.7 *Salmonella* in de roodvleesketen. Data NVWA/WFSR (levensmiddelen: detectie in 25 g); 2015-2019.

| Ketenschakel | n(K&K) ¹ | Product | Diersoort | # Positief | # Monsters | % Positief |
|--------------------------|---------------------|--|-----------|------------|---------------|-------------|
| Boerderij | Nvt | Dier (bedrijfsniveau) | | 30 | 733 | 4,1% |
| | | Schaap (melkschaap; feces) [§] | | 4 | 24 | 16,7% |
| | | Varken (vleesvarken; feces) [@] | | 14 | 148 | 9,5% |
| | | Rund (vleestier; feces) | | 7 | 196 | 3,6% |
| | | Rund (melkvee; feces) [§] | | 4 | 183 | 2,2% |
| | | Geit (melkgeit; feces) [§] | | 1 | 182 | 0,5% |
| Totaal Boerderij | | | | 30 | 733 | 4,1% |
| Slachthuis | Niet-K&K | Karkas | | 160 | 2.443 | 6,5% |
| | | Varken (400 cm ²) | | 158 | 2.296 | 6,9% |
| | | Rund (kalf; 400 cm ²) | | 2 | 42 | 4,8% |
| | | Rund (400 cm ²) | | 0 | 105 | 0,0% |
| | | Karkas (exportcertificering) | | 5 | 132 | 3,8% |
| | | Rund (kalf; 400 cm ²) | | 2 | 48 | 4,2% |
| | | Varken (400 cm ²) | | 3 | 84 | 3,6% |
| Totaal Slachthuis | | | | 165 | 2.575 | 6,4% |
| Groothandel / opslag | Niet-K&K | Vers vlees (import) | | 0 | 81 | 0,0 |
| | | Rund [#] | | 0 | 80 | 0,0% |
| | | Lam [#] | | 0 | 1 | 0,0% |
| | | Totaal Groothandel / opslag | | | | 0 |
| Retail | Niet-K&K | Vers vlees (incl. vleesbereidingen) | | 40 | 6.116 | 0,7% |
| | | Geit | | 1 | 36 | 2,8% |
| | | Varken | | 22 | 2.549 | 0,9% |
| | | Schaap/lam | | 6 | 889 | 0,7% |
| | | Rund/kalf | | 11 | 2.638 | 0,4% |
| | | Vlees (gemengd) | | 0 | 4 | 0,0% |
| | | Gehakt vlees (incl. vleesbereidingen) | | 16 | 1.775 | 0,9% |
| | | Schaap/lam | | 1 | 69 | 1,4% |
| | | Rund/kalf | | 11 | 1.170 | 0,9% |
| | | Varken | | 4 | 505 | 0,8% |
| | | Vlees (gemengd) | | 0 | 25 | 0,0% |
| | Geit | | 0 | 6 | 0,0% | |
| | K&K | Vleeswaar - rauw te consumeren | | 4 | 1.199 | 0,3% |
| | | Rund/kalf | | 4 | 1.179 | 0,3% |
| | | Overig [*] | | 0 | 20 | 0,0% |
| | | Vleeswaar - droge / gefermenteerde worst | | 0 | 2 | 0,0% |
| | | Vlees (gemengd) | | 0 | 2 | 0,0% |
| Totaal Retail | | | | 60 | 9.092 | 0,7% |
| Totaal NVWA | | | | 255 | 12.481 | 2,0% |

[§] Data zoals gerapporteerd aan EFSA, deze wijken dankzij correctie af van data in RIVM rapportage (Opsteegh et al., 2018)

[@] Data uit 2019-2020 (Vlaanderen et al., 2021)

[§] Data uit 2020-2021, maar vanwege relevantie meegenomen in deze risicobeoordeling

[#] Import (partijbemonstering, n=5)

^{*} Varken (4), paard (1), vlees (gemengd; 13), onbekend (2)

¹: K&K is kant-en-klaar

Tabel 13.8 *Salmonella* in de roodvleesketen. Data GD, VMDC en producent; 2015-2019.

| Ketenschakel | (n)K&K ¹ | Product | Diersoort | # Positief | # Monsters | % Positief |
|-------------------------|---------------------|--------------------|---------------------|---------------|----------------|--------------|
| GD/VMDC | | | | | | |
| Boerderij | Nvt | Dier | | | | |
| | | Rund | Feces | 3.207 | 49.093 | 6,5% |
| | | | Pathologie | 908 | 12.700 | 7,1% |
| | | Rund (kalf) | Pathologie | 7 | 126 | 5,6% |
| | | Paard [#] | Pathologie | 45 | 1.026 | 4,4% |
| | | Geit | Pathologie | 32 | 1.678 | 1,9% |
| | | Schaap | Pathologie | 8 | 1.907 | 0,4% |
| | | Varken | Pathologie | 1.179 | 7.572 | 15,6% |
| Slachthuis | | Varken | Bloed | 71.174 | 189.520 | 37,6% |
| Totaal GD/VMDC | | | | 76.560 | 263.622 | 29,0% |
| Producent | | | | | | |
| Slachthuis | Niet-K&K | Karkas | | | | |
| | | Varken | 400 cm ² | 1.170 | 29.401 | 4,0% |
| Totaal Producent | | | | 1.170 | 29.401 | 4,0% |

VMDC

¹: K&K is kant-en-klaar

Tabel 13.9 *Salmonella* in de grofwildketen. Data NVWA/WFSR (levensmiddelen: detectie in 25 g); 2015-2019.

| Product | Diersoort | # Positief | # Monsters | % Positief |
|-------------------------------------|---------------|------------|------------|------------|
| Vers vlees (incl. vleesbereidingen) | Krokodil | 9 | 37 | 24,3% |
| | Kangoeroe | 3 | 81 | 3,7% |
| | Zebra | 0 | 16 | 0,0% |
| | Python | 0 | 1 | 0,0% |
| | Lama | 0 | 4 | 0,0% |
| | Hert | 0 | 2 | 0,0% |
| | Struisvogel | 0 | 86 | 0,0% |
| | Bizon | 0 | 16 | 0,0% |
| | Drommedaris | 0 | 2 | 0,0% |
| | Buffel | 0 | 1 | 0,0% |
| | Totaal | | 12 | 246 |

Op EU-niveau werd een koppel/bedrijfsprevalentie waargenomen van 10% (circa 600 holdings/flocks; alleen gegevens met betrekking tot *surveillance, monitoring, control and eradication programmes*). Op dier-niveau was de waargenomen prevalentie 3% (circa 2.000 dieren; alleen gegevens met betrekking tot *objective/census strategy; monitoring, survey, control and eradication programmes*). Dit betreft monstername door de bevoegde autoriteit en de industrie. Onduidelijk is soms welk type monster is onderzocht (feces, caecum, omgeving, niet-gespecificeerd) (EFSA & ECDC, 2021b).

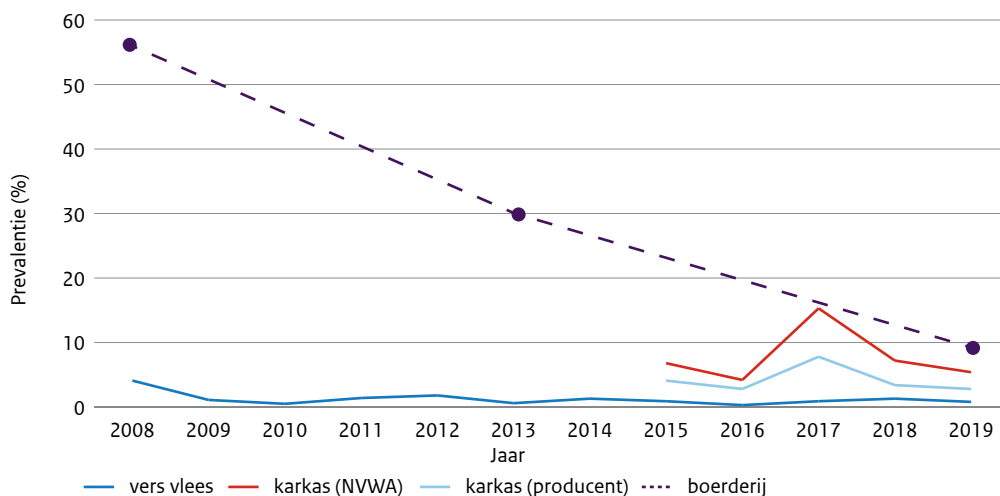
Op het slachthuis wordt door de producent verplicht karkasonderzoek uitgevoerd. Het proceshygiëne-criterium staat sinds juni 2014 een prevalentie van 6% toe (3/50 karkassen; monsteroppervlak 400 cm²; vóór juni 2014 was dit 5/50 karkassen). De door de producent gerapporteerde prevalentie op karkasniveau (slachthuis) bedroeg 4% (circa 29.000 monsters) in de periode 2015-2019 ((equivalent aan 400 cm²) (Tabel 13.8). Het verificatieonderzoek van de NVWA laat een prevalentie zien van 7% (monstername van 400 cm²; circa 2.300 monsters) (Tabel 13.7). De data van de producent geven lagere aantallen

dan die van de NVWA. Dit verschil tussen officiële monsternamen door de Bevoegde Autoriteit (BA) en de producent wordt op EU-niveau ook gezien (EFSA & ECDC, 2021b). Op EU-niveau werd in 2019 voor varkenskarkassen een prevalentie van 3% waargenomen (circa 22.000 monsters) door de BA en van 1,5% door de producenten (circa 112.000 monsters). De prevalentie gerapporteerd door de BA varieert van 0% (Bulgarije, circa 2.000 monsters), 0,3% (Slowakije, circa 2.400 monsters) en 0,6% (Polen, circa 4.200 monsters) tot 18% (Spanje, circa 1.400 monsters) (EFSA & ECDC, 2021b).

Op karkassen die zijn onderzocht voor exportcertificering (slachthuis; circa 80 monsters) werd door de NVWA in 4% van de gevallen *Salmonella* aangetroffen. De *Salmonella*-prevalentie lijkt (op basis van een beperkt aantal monsters) hier lager te liggen dan voor karkassen bestemd voor de EU markt.

In de retail werd door de NVWA in de periode 2015-2019 vers vlees en vleesbereidingen (circa 2.500 monsters) en gehakt vlees (circa 500 monsters) bemonsterd. In beide productgroepen werd een *Salmonella*-prevalentie van 1% waargenomen. Er zit geen trend in de waargenomen prevalentie in de periode vanaf 2008. Uitgezonderd de data uit 2008, schommelt de waargenomen prevalentie rond de 1% (Figuur 13.1).

Figuur 13.1 Prevalentiegegevens van *Salmonella* in de varkensketen. Weergegeven zijn de gegevens met betrekking tot prevalentie op de boerderij (mestonderzoek; op bedrijfsniveau), op karkassen (NVWA, producent; per 400 cm²) en op vers vlees uit de retail (per 25 g).



Uit de data met betrekking tot Nederland lijkt te volgen dat in de periode vanaf 2008 het aantal bedrijven dat positief is voor *Salmonella* sterk is gedaald (van 56% naar 9%). Dit is niet geheel met zekerheid vast te stellen, omdat het drie meetpunten betreft. Deze (zeer vermoedelijke) daling op bedrijfsniveau (boerderij) laat zich niet terug zien in een vergelijkbare trend bij de karkassen of het vers vlees uit de retail (Figuur 13.1). Wel zit er een relatie tussen de trend op karkasniveau waargenomen door de producent en door de NVWA, waarbij de producent een lagere prevalentie waarneemt.

In 2015-2016 is de werkwijze van de post mortemkeuring aangepast door de NVWA. Dit houdt in dat het traditionele “bekijken – palperen – insnijden” in steeds meer situaties is vervangen door ‘zichtkeuring’. Hierbij wordt het karkas zo min mogelijk gehanteerd, wat besmetting van het karkas en kruisbesmetting tussen de karkassen zou moeten voorkómen en dus in een lagere prevalentie van micro-organismen (met name bacteriën) op het vlees zou moeten resulteren (EFSA BIOHAZ Panel, 2011b). De aanpassing van de postmortemkeuring lijkt wat betreft de prevalentie van *Salmonella* op vers vlees niet echt een effect te sorteren, aangezien de *Salmonella*-prevalentie op vlees redelijk constant lijkt te zijn gebleven. Mogelijk spelen andere aspecten hier ook een rol, hiervoor is verdere duiding nodig.

Op EU-niveau werden in 2019 de volgende *Salmonella*-prevalenties waargenomen op vers vlees van varkens en daarvan gemaakte levensmiddelen (EFSA & ECDC, 2021b):

- vers vlees (circa 5.400 monsters) – 2%,
- vleesbereidingen (niet-gespecificeerd, nog te verhitten; circa 5.400 monsters) – 2%,
- gehakt vlees (circa 5.100 monsters) – 1%
- vleesproduct (niet-kant-en-klaar; circa 400 monsters) – 1%
- rauw te consumeren vleesbereidingen (circa 200 monsters) – 0%,
- rauw te consumeren vleesproducten (circa 2.100) – 1%
- gedroogde en/of gefermenteerde worst (circa 150 monsters) – 2%
- vleesproducten (verhit, inclusief ham, paté; circa 3.800 monsters) - <0,5%
- vleesproducten (kant-en-klaar; circa 1.000 monsters) – 1%

Opvallend hierin is de mate waarin *Salmonella* in kant-en-klare vleesproducten en in gedroogde en/of gefermenteerde worst vóórkomt. Indien het productieproces van deze producten goed wordt uitgevoerd (voldoende drogen ($A_w < 0,920$), fermenteren ($pH < 5,3$), toevoeging zout(en)) zou *Salmonella* moeten worden afgedood (Corbellini et al., 2017; Piras et al., 2019). Dat dit niet altijd het geval is, blijkt ook uit de verschillende uitbraken die met dit product zijn geassocieerd: meer dan 20 uitbraken in EU (2000-2020) (Piras et al., 2019; Serra-Castelló et al., 2021) en meer dan 20 uitbraken in Zuid-Brazilië (2000-2015) (Corbellini et al., 2017)). Ook een analyse van in de literatuur gepubliceerde uitbraken veroorzaakt door roodvlees en producten daarvan gemaakt (periode 1980-2015) wijst binnen de salmonellose-uitbraken ($n=21$) gedroogde gefermenteerde worst aan als product dat de meeste uitbraken veroorzaakte (Omer et al., 2018).

Onderzoek van Piras et al. (2019) uitgevoerd bij verschillende productielocaties laat zien dat *Salmonella* voorkwam in de rauwe grondstof, in het product na verzuren (fermentatie) (beiden 24%) en in het gerijpte eindproduct (2%). Opgemerkt werd dat als de vraag hoog is, het productieproces wordt versneld, met name de rijpingstijd, waardoor het product minder uitdroogt (Piras et al., 2019). Een kwantitatieve risicobeoordeling (QMRA) uitgevoerd door Corbellini et al. (2017) laat zien dat een niet goed uitgevoerde fermentatie en een te korte rijping het risico van dit product verhoogt, terwijl voldoende rijping (>24 dagen) zorgt voor een veilig product, zelfs in geval de grondstof hogere aantallen *Salmonella* bevat. Ook een eerder uitgevoerde QMRA door Swart et al. (2016) toont het belang van de rijpingsstap aan. Een te korte rijpingstijd resulteert in worsten met een hoger gewicht, wat economisch voordeel oplevert.

Ook in RASFF werden in de periode 2015-2019 meldingen genotificeerd over het aantreffen van *Salmonella* in gedroogde en/of gefermenteerde worst. Het ging om 35 meldingen, waarvan 5 gespecificeerd als varkensvlees, 1 gemengd rund/varken en de rest zonder diersoort. Vijf van deze meldingen betrof een uitbraak (diersoort onbekend) (Tabel 13.27, Tabel 13.28).

In totaal werden in de periode 2015-2019 81 meldingen over het aantreffen van *Salmonella* op varkensvlees en varkensvleesproducten genotificeerd in RASFF. Het betrof naast de 5 meldingen over gedroogde en/of gefermenteerde worst meldingen over vers vlees ($n=48$, waarvan 3 uitbraken), gehakt vlees & vleesbereidingen ($n=14$), vleesproduct ($n=12$) en separatorvlees ($n=2$) (Tabel 13.27, Tabel 13.28). Twee van de uitbraken betroffen uitbraken waar Nederland bij betrokken was. De ene was een uitbraak door *S. Bovismorbificans* op coburgerham uit België, maar gesneden in Nederland (Brandwagt et al., 2018). De andere was een uitbraak door *S. Goldcoast* op vers varkensvlees uit Nederland.

De serovars die in Nederland (2017-2019) bij varkens en op vlees van varkens worden aangetroffen zijn met name *S. Typhimurium* (34%), monofasische *Typhimurium* (40%) en *S. Derby* (8%). In de periode daarvoor (2012-2016) was het aandeel *S. Derby* hoger (16%), het aandeel van de monofasische variant van *S. Typhimurium* lager (32%), dat van *S. Typhimurium* nagenoeg gelijk (35%). *S. Enteritidis* komt nauwelijks voor bij varkens (0,1%, 2012-2019) (Vlaanderen et al., 2020). Op EU-niveau is het aandeel van *S. Derby* en de monofasische *S. Typhimurium* ongeveer even groot en dat van *S. Typhimurium* ongeveer de helft daarvan (EFSA & ECDC, 2021b).

Bij de mens is er een seizoenstrend waar te nemen in de salmonellose-gevallen, met een piek in de zomer (zie Figuur 13.4. Bij varkens lijkt deze trend er niet te zijn, gebaseerd op onderzoek uit Nederland (boerderij: feces) (Bouwknegt et al., 2004), Denemarken (slachthuis: karkassen) (Baptista et al., 2010) en het Verenigd Koninkrijk (slachthuis: feces) (Milnes et al., 2009).

Rund

Net als bij varken, is *Salmonella* bij runderen door de EFSA aangemerkt als een prioriteit in het kader van de vleeskeuring, maar met de kanttekening dat de inspectie van karkassen zelf een beperkte rol vervult bij het bestrijden van *Salmonella*. Wel kan bij de *antemortem*keuring gelet worden op zichtbare fecale vervuiling van de dieren, aangezien dit een risicofactor kan zijn voor besmetting van de karkassen tijdens het slachten. Bij de *postmortem*keuring dient gelet te worden op fecale bezoedeling van de karkassen (EFSA BIOHAZ Panel, 2013d).

Ook binnen het toezichtskader van de NVWA en de GD heeft deze pathogeen-dier combinatie prioriteit. Er zijn gegevens beschikbaar door de hele keten heen (Tabel 13.7, Tabel 13.8, Tabel 13.21).

In de surveillance van zoönosen bij landbouwhuisdieren werden in 2017 196 vleesveebedrijven bezocht voor onderzoek naar het vóórkomen van pathogenen (Cuperus et al., 2019) en in 2019-2020 werden 183 melkveebedrijven bezocht (mestonderzoek) (Cuperus et al., 2022). Bij 4% van de vleesveebedrijven werd *Salmonella* aangetroffen. Bij melkvee was dat 2% (Tabel 13.7).

Alle melkveebedrijven in Nederland doen verplicht onderzoek naar *Salmonella* (tankmelk) (BuRO, 2017a). Bij vleesvee wordt mestonderzoek uitgevoerd (vrijwillig) (GD, 2022b). In 2018 en 2019 was per trimester circa 3-7% van de melkveebedrijven positief voor *Salmonella* (GD, 2018-2019). De waargenomen prevalentie op bedrijfsniveau (mest) bedroeg in de periode 2015-2019 7% (circa 49.000 monsters). Van de bijna 13.000 dieren die voor pathologisch onderzoek bij de GD werden aangeboden, was 7% positief voor *Salmonella* (Tabel 13.8).

In de EU werd in 2019 een prevalentie van 1% op kudde niveau waargenomen (alleen gegevens met betrekking tot *objective, census* of niet-gespecificeerde *sampling strategy; monitoring, surveillance, control and eradication programmes; faeces, caecum, animal sample*; circa 3.300 *herd/flocks*), terwijl dat op slachtdier-groepsniveau 8% gedroeg (circa 600 batches) (EFSA & ECDC, 2021b).

Slachthuizen doen verplicht onderzoek (proceshygiëne) naar het vóórkomen van *Salmonella* op karkassen (PHC, Tabel 13.37). Het proceshygiëne criterium staat een prevalentie van 4% toe (4/50 karkassen; 400 cm²). De NVWA voert verificatieonderzoek hierop uit. Op geen (0%) van de onderzochte runderkarkassen (circa 100 karkassen) werd *Salmonella* aangetroffen. Bij karkassen van kalveren was dat 4-5%. Hierbij is (op basis van het beperkte aantal monsters circa 40-50 monsters per categorie) geen verschil te zien tussen vlees bestemd voor de export en vlees voor de EU markt (Tabel 13.7). Op EU-niveau werd in 2019 een prevalentie van 0,1% op karkassen (circa 17.000 karkassen) waargenomen (EFSA & ECDC, 2021b).

In de groothandel werden in de periode 2015-2019 door de NVWA 80 partijen geïmporteerd vers rundvlees (met name biefstuk-achtig vlees) onderzocht (n=5/partij) op aanwezigheid van pathogenen. De partijen komen met name uit Zuid-Amerika (onder andere Argentinië, Brazilië, Uruguay) en Oceanië. In geen van de partijen werd *Salmonella* aangetroffen (Tabel 13.7).

In de retail werden door de NVWA circa 1.700 monsters vers vlees (inclusief vleesbereidingen), circa 1.100 monsters gehakt vlees, en circa 1.200 monsters rauw te consumeren vleeswaar genomen. In gehakt vlees werd het vaakst *Salmonella* aangetroffen (0,9%), gevolgd door vers vlees (inclusief vleesbereidingen; 0,4%) en de rauw te consumeren vleeswaar (0,3%). Voor vers vlees is onderscheid te maken tussen rundvlees (circa 1.700 monsters) en kalfsvlees (circa 930 monsters). Voor beide typen vers vlees was de *Salmonella*-prevalentie 0,4%. Bekend is dat kalveren (tot 3 maanden) extra gevoelig zijn voor een *Salmonella*-besmetting en een infectie gemakkelijk aan elkaar door geven (GD, 2022b). Op karkassen van kalveren werd door de NVWA ook vaker *Salmonella* aangetroffen dan op karkassen van volwassen dieren. Dit vertaalt zich echter niet in een waarneembaar hogere prevalentie op kalfsvlees.

In de EU werd in 2019 op vers rundvlees in 0,4% van de onderzochte monsters (circa 5.000) *Salmonella* aangetroffen, in vleesbereidingen 1,3% (circa 500 monsters), in gehakt vlees 0,6% (circa 2.600 monsters) en in rauw te consumeren vleesbereiding 0,2% (circa 400 monsters). Op de vleesproducten (rauw te consumeren (circa 300 monsters), kant-en-klaar (circa 500 monsters)) werd geen *Salmonella* aangetroffen (EFSA & ECDC, 2021b).

In de periode 2015-2019 werden 55 meldingen over het aantreffen van *Salmonella* op vlees en vleesproducten van runderen genotificeerd in RASFF (Tabel 13.28). Het betrof vers vlees (30 meldingen), gehakt vlees & vleesbereidingen (23 meldingen) en rauw te consumeren vleesbereidingen (2 meldingen).

De serovars die in Nederland (2017-2019) bij runderen en op vlees van runderen werden aangetroffen zijn met name *S. Typhimurium* (36%), *S. Dublin* (29%) en de monofasische variant van *S. Typhimurium* (13%). In de periode daarvoor (2012-2016) was het aandeel van de monofasische variant van *S. Typhimurium* hoger (20%) en dat van *S. Typhimurium* (38%) en *S. Dublin* (29%) ongeveer hetzelfde. *S. Enteritidis* komt minder vaak voor bij runderen (2%, 2012-2019) (Vlaanderen et al., 2020). Op EU-niveau komt *S. Typhimurium* het vaakst voor bij runderen, de monofasische variant lijkt minder prominent te zijn dan in Nederland en *S. Enteritidis* juist wat meer (EFSA & ECDC, 2021b).

Bij de mens is er een seizoenstrend waar te nemen in de salmonellose-gevallen, met een piek in de zomer (zie Figuur 13.4). Bij runderen werd in het Verenigd Koninkrijk (slachthuis: feces) ook een dergelijke trend waargenomen (Milnes et al., 2009).

Kleine herkauwers

EFSA beoordeelt in haar risicobeoordeling met betrekking tot de vleeskeuring van kleine herkauwers en grofwild dat geiten en schapen geen belangrijk reservoir zijn voor humane salmonellose-gevallen en dat, hoewel de pathogeen vóórkomt bij deze dieren en op het vlees ervan, *Salmonella* om die reden minder belangrijk is (lage prioriteit) met betrekking tot de vleeskeuring van het vlees van kleine herkauwers (EFSA BIOHAZ Panel, 2013f).

In de surveillance van zoönosen bij landbouwhuisdieren werd in 2016 bij 183 melkgeitbedrijven en 24 melkschaapbedrijven in Nederland onderzoek gedaan naar het vóórkomen van pathogenen (mest-onderzoek) (Opsteegh et al., 2018). Bij één bedrijf met melkgeiten (0,5%) werd *Salmonella* aangetroffen en bij melkschapen werd een bedrijfsprevalentie van 17% (4 bedrijven) waargenomen (Tabel 13.7). In de periode 2004-2011 was in de EU 3% van de onderzochte geitenkuddes (circa 1.000 kuddes) positief voor *Salmonella* en voor schapen was dat 7% (circa 5.600 kuddes) (EFSA BIOHAZ Panel, 2013f).

Pathologisch onderzoek van de GD laat zien dat zowel bij geiten (2%; circa 1.700 dieren) als schapen (0,4%; circa 1.900 dieren) *Salmonella* wordt aangetroffen in kadavers die ter onderzoek worden aangeboden (Tabel 13.8).

In de periode 2015-2019 werd door de NVWA vers lamsvlees (circa 850 monsters), vers schapenvlees (circa 30 monsters), vers geitenvlees (circa 40 monsters) en gehakt vlees (schaap: circa 70; geit: circa 5) uit de retail onderzocht op *Salmonella*. Op vers lamsvlees (0,7%) en vers vlees van geiten (3%) en op gehakt vlees van lammeren (2%) werd *Salmonella* aangetroffen. Op vers schapenvlees en gehakt geitenvlees werd geen *Salmonella* aangetroffen, maar gezien het lage aantal monsters van deze twee categorieën levensmiddelen (30 respectievelijk 40 monsters) kan hier echter geen conclusie aan worden verbonden (Tabel 13.7).

Op EU-niveau werd in de periode 2004-2011 op diereniveau (slachthuis) een prevalentie van 2% (circa 3.100 dieren) voor geiten, en 6% (circa 21.000 dieren) voor schapen waargenomen, en op vers vlees (karkassen) van schapen een prevalentie van 0,3% (circa 1.000 monsters). Voor geiten zijn geen data met betrekking tot karkassen beschikbaar (EFSA BIOHAZ Panel, 2013f). In 2019 werd op vlees van schapen (circa 550 monsters: karkas (200 monsters), vers vlees (300 monsters), bereiding/product/gehakt (50 monsters)) een prevalentie van 0,2% waargenomen. Geitenvlees werd amper onderzocht (<5 monsters) (EFSA & ECDC, 2021b).

In de periode 2015-2019 werden vier meldingen over het aantreffen van *Salmonella* op vlees en vleesproducten van kleine herkauwers genotificeerd in RASFF. Het betrof vers schapenvlees (n=2), gehakt vlees & vleesbereiding (n=1) en een vleesproduct (Tabel 13.28).

Er zijn weinig gegevens beschikbaar over het vóórkomen van *Salmonella* op vers geitenvlees bij de NVWA en EFSA. Gezien het feit dat deze pathogeen in de feces van deze dieren wordt aangetroffen betekent dat ook het vlees na het slachten besmet zal zijn. Ook in de literatuur zijn weinig studies gepubliceerd over het aantreffen van deze pathogeen op vlees (onder andere karkassen) van geiten als het gaat om landen uit Europa, Noord-Amerika of Oceanië. Er was een slachthuisstudie uit Australië waar 39% van de karkassen positief was bij een prevalentie van 46% wat betreft fecesmonsters van deze dieren (circa 120 dieren) (Duffy et al., 2009).

Bij de Nederlandse melkschappen werd op alle vier de bedrijven die in 2016 positief waren voor *Salmonella* het subtype *Salmonella enterica* subs. *diarizonae* 61;k:1,5,(7) (SED) aangetroffen, op één bedrijf daarnaast ook *S. Infantis* (Opsteegh et al., 2018). Op het vlees uit de Nederlandse retail werd op geitenvlees (1 positief monster) *Salmonella enterica* subs. *diarizonae* aangetroffen. De zes isolaten afkomstig van schapenvlees waren *Salmonella enterica* subs. *diarizonae* (2), *S. Typhimurium* (2), *S. Infantis* en een *Salmonella* die niet goed kan worden getypeerd, maar mogelijk geen *S. enterica* subspecies was.

SED is een *host-adapted* type voor schapen, waarvan het zoönotisch potentieel ter discussie staat. Het belang van dit serovar voor de mens lijkt namelijk minder te zijn dan serovars van *S. enterica* subsp. *enterica* (Methner & Moog, 2018; Inés et al., 2021; Uelze et al., 2021). In Zweden wordt het aantreffen van dit serovar op schapenvlees zelfs niet als mogelijk voedselveiligheidsrisico beschouwd (geen notificatieplicht), dit in tegenstelling tot het aantreffen van alle andere serovars van *Salmonella* op voedsel (SVA et al., 2022). In een beoordeling van het Noorse Wetenschappelijk Comité voor Voedselveiligheid (VKM) met betrekking tot het risico van *S. diarizonae* voor de mens werd geconcludeerd dat hoewel dit serovar endemisch vóórkomt bij schapen in delen van Noorwegen, de impact van dit serovar op de humane gezondheid marginaal is (VKM, 2008).

In een studie uit Duitsland werd bij 82% van de onderzochte 90 schaapskuddes SED aangetroffen en geen andere soorten *Salmonella* (Methner & Moog, 2018). Ook in andere landen wordt voornamelijk dit type *Salmonella* bij schapen aangetroffen: Zwitserland (100%), Zweden (100%), Noorwegen (100%), Verenigde Staten (94%) (Alvseike & Skjerve, 2002; Zweifel et al., 2004; Dargatz et al., 2015; Sörén et al., 2015), terwijl in IJsland geen SED bij schapen werd aangetroffen maar wel *S. Montevideo* en *S. Thompson* (Hjartardóttir et al., 2002). Ook in Turkije werden andere typen aangetroffen (10/100 positief; *S. Newport*, *S. Typhimurium* en *S. Kentucky*) (Cetin et al., 2020). In een review naar het vóórkomen van *Salmonella* bij onder andere schapen op het Afrikaanse continent was *Typhimurium* het meest aangetroffen serovar (42%), gevolgd door *Enteritidis* (9%) en *Eastbourne* (7%) (Thomas et al., 2020).

Tot nu toe is in Nederland wat betreft kleine herkauwers alleen onderzoek gedaan naar het vóórkomen van *Salmonella* bij melkgeiten en -schapen. Onduidelijk is welke bijdrage melkgeiten en melkschappen leveren aan de consumptie van vlees van kleine herkauwers in Nederland. Geitenbokjes (mannelijke lammeren die van het melkbedrijf worden afgevoerd) en vleesschapen of ingevoerd vlees heeft daarin mogelijk een groter belang. Hiervan ontbreken gegevens met betrekking tot het vóórkomen van *Salmonella*. Bekend is dat binnen de melkgeitensector in Nederland aandacht is voor *Salmonella* en dat er momenteel gewerkt wordt aan het aanpakken van een sinds 2016 waargenomen *Salmonella*-probleem bij een aantal bedrijven (Platform Melkgeitenhouderij, 2021). Onbekend is hoe de controle op *Salmonella* bij andere geiten dan Nederlandse melkgeiten is. Prevalentiestudies van *Salmonella* bij geiten laten zien dat de mate waarin deze pathogeen wordt aangetroffen kan variëren van 2% (Afrika), 14% (Saudi-Arabië), 18% (India) tot 68% (Australië) (Chandra et al., 2006; Duffy et al., 2009; Bosilevac et al., 2015; Thomas et al., 2020).

Bij de mens is er een seizoenstrend waar te nemen in de salmonellose-gevallen, met een piek in de zomer (zie Figuur 13.4). Bij schapen werd in het Verenigd Koninkrijk (slachthuis: feces) juist een piek gezien in het voorjaar (lammerseizoen) (Milnes et al., 2009).

Paarden

EFSA stelt in haar opinie over de vleeskeuring van karkassen van paarden dat *Salmonella* vóórkomt bij paarden en op vlees van paarden, maar dat humane salmonellose-gevallen die veroorzaakt zijn door consumptie van vlees van paarden amper zijn beschreven (EFSA BIOHAZ Panel, 2013c).

Op EU-niveau werd in de periode 2007-2011 een *Salmonella*-prevalentie op koppel-niveau waargenomen van 5% (circa 1.500 koppels) en op dier-niveau van 3% (circa 5.500 dieren). Van de onderzochte karkassen (circa 1.100 (batches van) karkassen) was 0,2% positief. *S. Typhimurium* was daarbij het meest vóórkommende serovar (tenminste 43%) (EFSA BIOHAZ Panel, 2013c).

Paardenvlees is een nicheproduct in Nederland. In het surveillanceonderzoek van de NVWA met betrekking tot microbiologische voedselveiligheid werd in de periode 2015-2019 niet of nauwelijks onderzoek verricht naar paardenvlees (Tabel 13.7). Op EU-niveau werd in 2019 op karkassen (circa 100 monsters) geen *Salmonella* aangetroffen. Vlees werd amper (<10 monsters, alle negatief) onderzocht (EFSA & ECDC, 2021b). Onderzoek uitgevoerd door de GD op aangeboden kadavers laat zien dat bij 4% *Salmonella* werd aangetroffen (Tabel 13.8). *Salmonella* komt dus voor bij paarden in Nederland en zal aannemelijker wijs ook op paardenvlees voor kunnen komen.

In de periode 2015-2019 werden vier meldingen over het aantreffen van *Salmonella* op vlees en vleesproducten van paarden genotificeerd in RASFF. Het betrof gehakt vlees & vleesbereiding (n=3), waarvan één uitbraak en een melding over vers vlees (Tabel 13.28).

In een overzichtsartikel van Gill (2005) worden in de aangehaalde Europese studies (vanaf rond de eeuwwisseling) *Salmonella*-prevalenties op vers paardenvlees (onder andere karkassen) tussen 0-3% genoemd. Aanvullend op deze studies is er nog een onderzoek uit Duitsland waarin zowel bij paarden (circa 400 dieren) als op vers paardenvlees (circa 100 monsters) geen *Salmonella* werd aangetroffen (Pichner et al., 2005).

Wild zwijn

Vanwege het feit dat bij varken *Salmonella* als prioriteit in het kader van de vleeskeuring is aangemerkt, wordt deze pathogeen ook voor (gehouden) wild zwijn als relevant beoordeeld door EFSA. Dit ondanks het gebrek aan beschreven ziektegevallen, vooral gebaseerd op de verwantschap van wilde zwijnen met varkens en het feit dat de beperkte informatie laat zien dat *Salmonella* vóórkomt bij wilde zwijnen (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e).

In de periode 2004-2011 werden in de EU amper data over (gehouden) wild zwijn gerapporteerd. Uit de beschikbare EU-data komt een prevalentie van 15% op dierniveau (mest). Data uit de door EFSA uitgevoerde literatuurstudie laat zien dat bij vrij levend wild zwijn *Salmonella* wordt aangetroffen variërend van 1% tot 65% van de onderzochte dieren in de verschillende studies (n=3) (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e). Dit komt overeen met wat Ruiz-Fons (2017) in haar review aan prevalentiegegevens heeft gevonden (7 studies uit Europa).

In de periode 2015-2019 werd door de NVWA geen onderzoek gedaan naar het vóórkomen van bacteriële ziekteverwekkers op vlees van wild zwijn. Op EU-niveau werd in 2019 in het beperkt aantal onderzochte monsters (circa 60 monsters) van vlees van wild zwijn geen *Salmonella* aangetroffen (EFSA & ECDC, 2021b).

In de periode 2015-2019 werd één melding over het aantreffen van *Salmonella* op vlees en vleesproducten van wild zwijn genotificeerd in RASFF (Tabel 13.29). Het betrof vers vlees.

In de literatuur zijn weinig studies gepubliceerd over *Salmonella* op vers vlees van wild zwijn. In Italië werd bij 7% van de gejaagde wilde zwijnen (circa 60 dieren) kort na het jagen *Salmonella* op het karkas aangetroffen, terwijl dat 0% was bij aankomst op de wildverwerkingsinrichting (Bonardi et al., 2021). In een ander onderzoek uit Italië werd op 36% van het onderzochte vers vlees van wilde zwijnen (circa 30 monsters) *Salmonella* aangetroffen (Peruzy et al., 2022). In een overzichtsartikel van Paulsen et al. (2012) worden voor Midden-Europa prevalenties op karkassen van wilde zwijnen genoemd die variëren van minder dan 1% tot 7%.

In Zwitserland werd bij 37% van de wilde zwijnen serologisch vastgesteld dat de dieren waren blootgesteld geweest aan *Salmonella*, met regionale verschillen variërend van 5% tot 52% (Bassi et al., 2021).

Hertachtigen

In de EFSA opinie over de vleeskeuring van karkassen van gehouden grofwild is *Salmonella* geïnventariseerd als mogelijk relevant gevaar voor vlees van hertachtigen. EFSA kon niet tot een beoordeling komen wat betreft de prioritering van *Salmonella* in de vleeskeuring van hertachtigen op basis van onvoldoende beschikbaarheid van gegevens. Beschreven ziektegevallen zijn beperkt en beoordeeld werd op basis van de weinige beschikbare data dat deze pathoëen niet vaak vóórkomt bij deze dieren (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e).

In de EU werd in de periode 2004-2010 een *Salmonella*-prevalentie waargenomen van 2% bij hertachtigen (circa 150 dieren). Uit de literatuurstudie die EFSA uitvoerde bleek dat in verschillende studies *Salmonella* niet werd aangetoond bij deze dieren of op karkassen en vlees ervan. Wel werd in een aantal studies bij pathologisch onderzoek van hertachtigen *Salmonella* aangetroffen (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e).

Uit het literatuuronderzoek uitgevoerd door BuRO werd één referentie gevonden over het vóórkomen van *Salmonella* bij hertachtigen en vlees daarvan. In deze studie uit Finland werd geen *Salmonella* aangetroffen (circa 500 'semi-domesticated' rendieren) (Laaksonen et al., 2017).

Hertenvlees is een nicheproduct in Nederland. In het surveillanceonderzoek van de NVWA met betrekking tot microbiologische voedselveiligheid werd in de periode 2015-2019 niet of nauwelijks onderzoek verricht naar hertenvlees (Tabel 13.9). In de EU werd in 2019 in 5% van de onderzochte monsters hertenvlees (circa 90 monsters vers vlees, vleesbereiding, vleesproduct) *Salmonella* aangetroffen (EFSA & ECDC, 2021b). In de periode 2015-2019 werd één melding over het aantreffen van *Salmonella* op vlees en vleesproducten van hertachtigen genotificeerd in RASFF (Tabel 13.29). Het betrof vers vlees.

Overige diersoorten

Door gebrek aan voldoende gegevens (geen beschreven ziektegevallen, weinig prevalentiestudies) kon EFSA geen oordeel geven over de prioriteit van *Salmonella* met betrekking tot de vleeskeuring van (gehouden) struisvogels. Wel wordt dit vlees beschouwd als een route waarlangs de mens besmet kan raken met *Salmonella* (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e).

De prevalentie van *Salmonella* bij gehouden struisvogels in de EU in de periode 2004-2011 zou 2% bedragen (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e). In de beperkt beschikbare literatuurstudies (2 studies, geen EU) in het door EFSA uitgevoerde literatuuronderzoek werd *Salmonella* aangetroffen op 5-33% van het onderzochte vers vlees (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e).

De NVWA onderzocht in de periode 2015-2019 struisvogelvlees (86 monsters) en trof daar geen *Salmonella* in aan (Tabel 13.9). Dit geldt ook voor de beperkte hoeveelheid monsters van vlees van loopvogels (circa 60 monsters) die in 2019 op EU-niveau werden onderzocht (EFSA & ECDC, 2021b).

In de periode 2015-2019 onderzocht de NVWA vers vlees van verschillende diersoorten die minder frequent worden gegeten (onder andere krokodil, kangoeroe). In 8% van de monsters (circa 160 monster) werd *Salmonella* aangetroffen. Het ging daarbij om krokodil (24% positief; circa 40 monsters) en kangoeroe (4% positief; circa 80 monsters) (Tabel 13.9). Op EU-niveau werden in 2019 een beperkt aantal (circa 25) monsters vlees van gehouden of vrij wild onderzocht op *Salmonella*, waarbij deze pathoëen niet werd aangetroffen (EFSA & ECDC, 2021b).

In de periode 2015-2019 werden vijf meldingen over het aantreffen van *Salmonella* op vlees en vleesproducten van overige diersoorten genotificeerd in RASFF (Tabel 13.29). Het betrof vers vlees van krokodil (n=2) en wild (n=2) en een melding met betrekking tot gehakt vlees & vleesbereiding van kangoeroe.

Ziektegevallen en ziektelast

Ziektegevallen en uitbraken

Non-typhoidale salmonellose is in Nederland niet meldingsplichtig, behalve als het een uitbraak betreft met voedsel als vermoedelijke bron (Tabel 13.37). Wel vindt (op vrijwillige basis) laboratoriumsurveillance plaats door het RIVM. In 2019 was de incidentie van laboratorium bevestigde salmonellose-gevallen in Nederland 9 per 100.000 inwoners (Lagerweij et al., 2020). De trend in de humane salmonellose is, na een lange periode van geleidelijke afname, redelijk stabiel sinds 2013. De serovars die in Nederland (2015-2019) de meeste ziektegevallen veroorzaken zijn *S. Typhimurium* en de monofasische variant (samen 33%) en *S. Enteritidis* (28%) (Vlaanderen et al., 2020).

In Nederland werden in de periode 2006-2019 188 salmonellose-uitbraken geregistreerd, waarvan 32 met een bekende voedselbron (*strong evidence*) (Tabel 13.31). Hiervan werden er 13 (41%) veroorzaakt door roodvlees(producten) (Tabel 13.32). Er waren 391 zieken bij betrokken. Van de 13 roodvleesuitbraken betrof het 7 keer rundvlees, 4 keer varkensvlees en 2 keer een gemengd product (gehakt). Van de rundvleesuitbraken ging het 5 keer om een rauw te consumeren vleesbereiding en 1 keer om biefstukachtig vlees. Bij varkensvlees betrof het 1 keer een rauw vleesproduct (salami). Het merendeel van de uitbraken werd dus veroorzaakt door producten die geen (goede) verhitting ondergaan voor consumptie (Friesema et al., 2019a; Friesema et al., 2020c). Daarnaast speelt kruisbesmetting een belangrijke rol, wat voor rundvlees hoger is dan voor varkensvlees (Mughini-Gras et al., 2014).

In de periode 2015-2019 werden in de EU in totaal 1.540 voedsel gerelateerde salmonellose-uitbraken geregistreerd. Hierbij waren 23.642 zieken betrokken, met 5.258 ziekenhuisopnames en 26 overlijdensgevallen. Van deze uitbraken werd 15% (224) veroorzaakt door roodvlees. Het merendeel door “andere of gemengde producten” (112; 50%), gevolgd door varken (89; 40%), rund (17; 8%) en schaap (6; 3%). Ten opzichte van het totaal aan voedselgerelateerde salmonellose-uitbraken werd 6% door varkensvlees veroorzaakt, 1% door rundvlees, 0,4% door schaap/lamsvlees en 7% door andere en gemengd roodvlees (Tabel 13.33). Van het totaal aan uitbraken dat door roodvlees werd veroorzaakt, is *Salmonella* de meest vóórkommende ziekteverwekker (45% uitbraken, 38% zieken, 49% ziekenhuisopnames; wat betreft overlijdensgevallen is *L. monocytogenes* belangrijker) (Tabel 13.34).

Grofwild wordt niet specifiek genoemd in de EFSA rapportages (EFSA, 2022b). In het literatuuronderzoek dat EFSA uitvoerde met betrekking tot haar opinie over de vleeskeuring van gehouden wild werden nauwelijks uitbraken gevonden over deze productgroep (periode 2008-2011; wereldwijd). Er werd één salmonellose-geval beschreven door de consumptie van rauw hertenvlees. Van struisvogel en wild zwijn werden geen uitbraken beschreven (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e).

In Frankrijk zijn in de periode 2003-2020 een zestal salmonellose-uitbraken beschreven veroorzaakt door de consumptie van rauw paardenvlees (Espié et al., 2005; Santé publique France, 2020b; 2020a; Whitworth, 2020). In 2020 vond een uitbraak plaats veroorzaakt door gedroogde worst (*S. Bovismorbificans* en monofasische *S. Typhimurium* ST34; varkensvlees). Uitbraken in Frankrijk door monofasische *S. Typhimurium* ST34 worden vaak geassocieerd met de consumptie van gedroogd varkensvlees (Pardos de la Gandara et al., 2023).

Ziektelastschattingen en bronattributie

Op basis van deze waargenomen incidentie van 9 per 100.000 inwoners, wordt geschat dat in 2019 26.000 mensen een salmonellose opliepen, waarvan er 24 overleden. De ziektelast wordt geschat op 1.100 DALY met € 19 miljoen aan kosten (4% discontering) voor de samenleving voor dat jaar (Lagerweij et al., 2020).

De gemiddelde ziektelast per ziektegeval werd voor 2019 geschat op 0,04 DALY (Tabel 13.17) (Lagerweij et al., 2020).

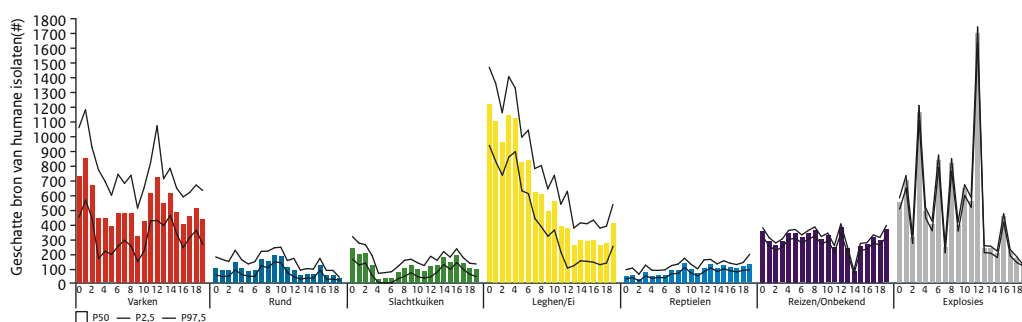
Om te schatten welk aandeel van de ziektegevallen – en dus van de ziektelast – aan de verschillende blootstellingsroutes kan worden toegeschreven, wordt bronattributie gebruikt. Bronattributie schat dat

in 2019 46% (510 DALY) van de ziektelast veroorzaakt door salmonellose aan voedsel kan worden toegeschreven. Binnen deze 510 DALY aan voedsel geattribueerde ziektelast van *Salmonella* is het aandeel van roodvlees (rund/lam, varken) afgerond 29% (149 DALY, 3.500 zieken) (Tabel 13.36). Specifiek aan roodvlees wordt 14% van de totale 1.100 DALY ziektelast van *Salmonella* geattribueerd (Figuur 13.5). Van de totale aan roodvlees geattribueerde ziektelast (1.600 DALY) wordt 9% aan *Salmonella* toegeschreven (Figuur 13.6) en van de zieken wordt 2% van het totaal aantal roodvlees-gerelateerde ziektegevallen (158.000 zieken) toe geschreven aan *Salmonella* (Lagerweij et al. (2020) aangepast op basis van Benincà et al. (2021)).

Binnen roodvlees vormt varkensvlees (75%) de belangrijkste bron van salmonellose voor de mens. Er wordt binnen de attributieschatting van het Nederlandse ziektelastschattingenmodel geen onderscheid gemaakt tussen rund en schaap/lam. Echter, in de attributieschatting op wereldniveau is dit wel gedaan. Voor de regio van Europa waartoe Nederland behoort, wordt geschat dat van de aan rund/lam geattribueerde ziektelast 67% aan rund is toe te schrijven (Hoffmann et al., 2017). Grofwild vormt geen onderdeel binnen de uitgevoerde attributieschattingen. Varkensvlees is binnen de totale voedselroute de belangrijkste blootstellingsroute aan *Salmonella* van de mens (22%).

Attributie van patiëntisolaten naar de verschillende blootstellingsbronnen laat zien dat in Nederland varken de laatste 10 jaar als reservoir de meeste humane salmonellose-gevallen veroorzaakt; dat is niet meer zoals vroeger legkip/ei (Figuur 13.2). In deze attributieschatting worden kleine herkauwers niet als aparte bron meegenomen. In dit model wordt bij de attributie naar de verschillende reservoirs ook rekening gehouden met de waargenomen frequentieverdeling van de verschillende *Salmonella* serovars binnen het reservoir, met de prevalentie van *Salmonella* op de levensmiddelen uit de verschillende reservoirs, met de consumptiehoeveelheden en de mate waarin producten al dan niet rauw worden gegeten (Vlaanderen et al., 2020). Consumptie van varkensvlees is een belangrijke route, maar het is niet de enige route waardoor de mens besmet raakt vanuit het reservoir varken. Dit kan ook via direct diercontact, via mest die wordt gebruikt om (akkers van) voedselgewassen te bemesten, via zwemmen in met mest vervuild water of via de zandbak (RIVM, 2006b; Mughini-Gras et al., 2014).

Figuur 13.2 Geschatte bijdrage aan de humane, laboratorium-bevestigde salmonellose per bron met een 95% betrouwbaarheidsinterval (2000-2019) (Bron: Laboratorium surveillance RIVM).



Beheersmaatregelen

Een effectieve beheersmaatregel is het goed verhitten van vlees voor consumptie en het toepassen van goede hygiëne tijdens de bereiding. Gegeven het feit dat niet al het roodvlees volledig gegaard wordt gegeten en vlees niet de enige blootstellingsroute is, wordt het grootste effect van maatregelen verwacht in de vroegste stadia van de keten, vooral als de besmettingsgraad bij dieren verlaagd kan worden (BuRO, 2015; Uiterwijk et al., 2018).

13.4.3.3 Risicokarakterisatie

- *Salmonella* veroorzaakt in Nederland ziektegevallen en ziektelast. Geschat wordt dat het in 2019 26.000 ziektegevallen betrof, waarvan er 24 overleden. De totale ziektelast voor dat jaar wordt geschat op 1.100 DALY, waarvan het geschatte aandeel van voedsel 46% bedraagt; hiervan wordt 29% toegeschreven aan roodvlees.
- *Salmonella* wordt aangetroffen bij alle landbouwhuisdieren uit de roodvleesketen en bij grofwild.
- Bijna alle serovars van *Salmonella* zijn ziekteverwekkend bij de mens. Echter, de serovars die in Nederland de meeste ziektegevallen veroorzaken zijn *S. Enteritidis* (28%) en *S. Typhimurium* (inclusief monofasische variant; 33%).
- In Nederland komt *Salmonella* binnen de roodvlees- en grofwildketen op bedrijfsniveau het vaakst voor bij (melk)schape (17%) en varkens (9%), gevolgd door runderen (2-3%) en tenslotte (melk)geiten (<1%).
- Op vers vlees en gehakt vlees (rund, varken, lam) komt *Salmonella* in eenzelfde orde van grootte voor (circa 0,5-1,5%). Van geitenvlees kan hier geen uitspraak over worden gedaan (te weinig gegevens).
- Per diersoort kan de frequentieverdeling van de verschillende serovars van *Salmonella* verschillen. Op varken komt *S. Typhimurium* en de monofasische *Typhimurium* vaak voor (samen ~75%) gevolgd door Derby (~10%). Bij rund is dat ~50% voor *S. Typhimurium* en de monofasische variant samen en ~30% voor Dublin. Bij schape komt *Salmonella enterica* subs. *diarizonae* 61;k;1,5,(7) voor, het zoönotisch potentieel van dit type staat echter ter discussie. Er zijn te weinig data om een frequentieverdeling te maken van de serovars die bij kleine herkauwers vóórkomen.
- *Salmonella* overleeft het proces van volledig garen van vlees niet.
- Op basis van de ziektelast-schattingen vormt binnen voedsel de categorie varkensvlees de belangrijkste besmettingsroute naar de mens.
- Varken is als reservoir de belangrijkste besmettingsbron van *Salmonella* voor de populatie in Nederland. Voedsel (vlees) is niet de enige besmettingsroute van de mens vanuit het reservoir varken, zodat aandacht voor het (verlagen van het) vóórkomen op dier- en bedrijfsniveau ook van groot belang is voor de volksgezondheid. Het lijkt dat het aantal varkensbedrijven dat besmet is met *Salmonella* de laatste jaren afneemt.
- Karkasonderzoek laat zien dat de prevalentie van *Salmonella* op varkenskarkassen niet af lijkt te hangen van het relatieve aantal vleesvarkensbedrijven dat besmet is met deze pathogeen.
- De prevalentie op vers vlees is de laatste jaren nauwelijks veranderd.
- In de aanpak om de ziektelast afkomstig van *Salmonella* voor de situatie in Nederland te verlagen, hoort de besmettingsroute via varkensvlees een belangrijke rol te spelen. Verbetering van de slachthygiëne (waardoor de prevalentie van pathogenen op vers vlees wordt verlaagd) zal moeten zorgen voor het verlagen van de blootstelling van de mens aan *Salmonella* via consumptie van varkensvlees en daarvan gemaakte producten.
- Varkenskarkassen lijken op basis van gegevens van de NVWA niet te voldoen het *Salmonella*-proceshygiëncriterium, terwijl producenten op basis van het door henzelf uitgevoerde verplichte karkasonderzoek wel aan dit proceshygiëncriterium lijken te voldoen.
- Producten die niet zijn verhit voor consumptie zijn het meest risicovol. Opvallend is dat gedroogde en/of gefermenteerde worst een rol lijkt te spelen in de blootstelling.
- Lams- en geitenvlees vormen op populatieniveau geen belangrijke blootstellingsroute vanwege de beperkte consumptie. *Salmonella* komt op lamsvlees in dezelfde mate voor als op rund- en varkensvlees. Voor mensen die wel vlees eten, maar geen varken (bijvoorbeeld vanuit geloofsovertuiging) zal de consumptie van vlees van kleine herkauwers mogelijk meer van belang zijn en mogelijk een relatief belangrijke blootstellingsroute vormen. Beter inzicht in het risico met betrekking tot *Salmonella* dat consumptie van vlees van kleine herkauwers met zich meebrengt is gewenst. Net als in de herkomst van het in Nederland beschikbare vlees van kleine herkauwers

(melkschaap, vleesschaap, melkgeit, geitenbokjes, invoer en onbedwelmd geslachte dieren) en het vóórkomen van (de verschillende typen) *Salmonella* in die bronnen.

- *Salmonella* komt voor bij wilde zwijnen, onbekend is in welke mate, maar dit kan in dezelfde orde van grootte als bij varkens zijn. Op populatieniveau is wild zwijn geen belangrijke blootstellingsroute. Op basis van de beschikbare gegevens kan geen schatting worden gemaakt van het risico van consumptie van wild zwijn (per portie) ten opzichte van varkensvlees (per portie).
- Bij paarden en hertachtigen is *Salmonella* wel eens aangetoond, al lijkt *Salmonella* niet veel voor te komen. Toch zijn in de EU ziektegevallen beschreven door consumptie van rauw paardenvlees. Gezien de lage consumptie is vlees van paarden en hertachtigen in Nederland nauwelijks van belang op populatieniveau. Aangaande vlees van hertachtigen zijn de gegevens te beperkt om een goede inschatting van het risico te kunnen maken op portieniveau, maar de blootstelling per portie vers vlees (nog te verhitten) lijkt mogelijk hoger te zijn dan voor rund en varken.
- Op vlees van krokodil wordt frequent (24%) *Salmonella* aangetroffen. Dit betreft een nicheproduct, zodat op populatieniveau krokodil geen belangrijke blootstellingsroute zal zijn. Een dergelijk hoge prevalentie op het product is echter ongewenst. *Salmonella* wordt als relevant gevaar voor vlees van struisvogels beschouwd. Gegevens met betrekking tot het vóórkomen van *Salmonella* op struisvogelvlees zijn echter niet voldoende beschikbaar.

Salmonella wordt beschouwd als relevant gevaar binnen de roodvleesketen voor vlees van varken, rund, schaap, wild zwijn, krokodil en struisvogel. Voor vlees van hertachtigen lijkt *Salmonella* wel van belang, maar net als voor vlees van geit en paard zijn er te weinig gegevens om hier een uitspraak over te doen. Vlees van varken, rund en schaap (lam) is in dezelfde mate besmet met *Salmonella*. Op populatieniveau zijn varkens- en rundvlees relevante bronnen van blootstelling aan *Salmonella*. Vlees van kleine herkauwers draagt daarin weinig bij gezien de lage consumptiehoeveelheid, maar kent mogelijk een vergelijkbaar risico. Ook vlees van wild zwijn, krokodil en struisvogel (en hert) dragen op populatieniveau weinig bij. Opvallend is dat gedroogde en/of gefermenteerde worst een rol speelt in de blootstelling van de mens aan *Salmonella*.

Consumptie van roodvlees geeft een risico voor de volksgezondheid met betrekking tot *Salmonella*. De ernst van salmonellose wordt gecategoriseerd als middelmatig (10-99 DALY/1.000 cases). De kans op blootstelling aan een hoeveelheid *Salmonella* (aantal infectieuze cellen) die relevant is voor de gezondheid (ziekteverwekkend) wordt voor varkensvlees geschat als hoog (>2.000 cases/jaar), voor vlees van rund en de andere diersoorten als laag (<2.000 cases/jaar). Er is op basis van beschikbare gegevens geen inschatting te maken van de kans op relevante blootstelling aan *Salmonella* voor subpopulaties met een hogere consumptie van lams- en geitenvlees of andere nicheproducten (krokodil).

13.4.4 Pathogene *E. coli* (STEC)

13.4.4.1 Gevarenkarakterisatie

Escherichia coli behoort tot de familie van *Enterobacteriaceae*. Niet alle soorten *E. coli* zijn ziekteverwekkend voor de mens, slechts een klein deel behoort tot de groep van pathogene *E. coli*. De shigatoxineproducerende *E. coli* (STEC) is de meest bekende soort.

Een infectie met STEC kan asymptomatisch verlopen of zich beperken tot mildere klachten als gastro-enteritis. Ook hemorragische colitis (bloedige diarree) behoort tot de mildere klachten die STEC veroorzaakt. Het hemolytisch uremisch syndroom (HUS) behoort tot de ernstige klachten en 'End Stage Renal Disease' is chronisch. De kans op sterfte bij goede behandeling van een STEC-infectie is middelmatig (1:100 - 1:1.000) (van Kreijl et al., 2004).

Inname van een kleine hoeveelheid STEC-kiemen kan al tot ziekte leiden, vooral bij de risicogroepen (jonge kinderen, bejaarden, immuungecompromitteerden) (Forsythe, 2000; Teunis et al., 2004; US FDA, 2012). Voor deze pathogeen geldt dat groei in het product niet noodzakelijk is om ziekte bij de mens te veroorzaken Tabel 13.16).

Niet alle STEC stammen zijn even ziekteverwekkend. Dit hangt af van de aanwezigheid en combinatie van virulentiefactoren, die worden gecodeerd door bepaalde genen. Stammen met shigatoxine-gen *stx2a* (binnen het *stx*-gen wordt onderscheid gemaakt in subtypen) en aanhechtingsgenen *eae* of *aggR* hebben de grootste potentie om diarree, bloederige diarree en HUS te veroorzaken. Stammen met andere *stx*-subtypen kunnen mogelijk wel diarree veroorzaken, maar de associatie met HUS is minder sterk. Stammen met alleen het *stx1*-gen hebben een lagere kans op ernstige symptomen dan stammen met het *stx2*-gen. Tevens worden binnen het *stx2*-subtype subtypen *stx2a* en *stx2d* met een hogere kans op ernstige symptomen geassocieerd dan de andere subtypen (WHO & FAO, 2018). Hoewel het gaat om welke virulentiefactoren een stam bij zich draagt, worden sommige serotypen vaker bij de mens gezien of met ernstigere symptomen geassocieerd. De top-5 serotypen die vaker met ernstige symptomen (HUS) worden geassocieerd in de EU zijn O157, O26, O145, O103 en O111 (RIVM, 2010a; EC, 2013). Serotypen die het vaakst bij patiënten in Nederland worden aangetroffen (periode 2007-2019) zijn O157, O26, O91, O103, O146 en O63 (Friesema et al., 2020a).

Een verhoogde kans op infectie hebben kinderen (<5 jaar) en ouderen (<60 jaar). Ook hebben zij een verhoogde kans op een ernstig beloop, net zoals onder andere mensen die antibiotica gebruiken (RIVM, 2010a).

13.4.4.2 Blootstellingsschatting

Besmettingsroutes naar de mens

De mens raakt met STEC besmet via de feco-orale route. Meestal is dat indirect door het eten van voedsel dat besmet is geraakt met mest, zoals vlees (tijdens de slacht), zuivelproducten (tijdens het melken), groenten (bemesting of via uitwerpselen van grofwild) of via oppervlaktewater. Maar directe blootstelling door contact met mest of besmet vee komt ook voor als oorzaak van een STEC-infectie. Net als mens-op-mens contact (RIVM, 2010a).

Aantreffen in de keten

E. coli is een bacterie die bij veel warmbloedige dieren in de darmen en dus in de feces (mest), vóórkomt. STEC komt met name voor bij runderen, schapen en geiten, maar wordt ook bij andere landbouwhuisdieren en grofwild aangetroffen. Dieren zijn alleen asymptomatisch drager van STEC, er treedt geen ziekte op (RIVM, 2010a). Varkens zijn wel gevoelig voor *E. coli*-infecties (GD, 2022b).

STEC verspreidt zich van dier-op-dier via feces, maar ook via de omgeving waarin STEC langere tijd kan overleven (Farrokh et al., 2013), via contact met andere dieren (landbouwhuisdieren, huisdieren, grofwild) of vervuild drinkwater. Mengvoer is eigenlijk geen verspreidingsbron (Farrokh et al., 2013; BuRO, 2017a;2019b).

Tabel 13.10 STEC in de roodvleesketen. Data NVWA/WFSR (levensmiddelen: detectie in 25 g); 2015-2019.

| Ketenschakel | (n)K&K ¹ | Product | Diersoort | # Pos | # Totaal | % Pos | |
|----------------------|---------------------|-------------------------------------|--|-----------------|--------------|-------------|------|
| Boerderij | Nvt | Dier (bedrijfsniveau) | | 356 | 729 | 48,8% | |
| | | | Geit (melkgeit)* | 164 | 182 | 90,1% | |
| | | | Schaap (melkschaap)* | 18 | 24 | 75,0% | |
| | | | Varken (vleesvarken) [@] | 86 | 147 | 58,5% | |
| | | | Rund (vleesstier) | 49 | 194 | 25,3% | |
| | | | Rund (melkvee) [Ⓔ] | 39 | 182 | 21,4% | |
| Totaal Boerderij | | | | 356 | 729 | 48,8% | |
| Slachthuis | niet-K&K | Vers vlees | | 33 | 194 | 17,0% | |
| | | | Kalf (export) | 33 | 194 | 17,0% | |
| | | Totaal Slachthuis | | 33 | 194 | 17,0% | |
| Groothandel / opslag | niet-K&K | Vers vlees (import) | | 9 | 81 | 11,1% | |
| | | | Rund [#] | 9 | 80 | 11,3% | |
| | | | Lam [#] | 0 | 1 | 0,0% | |
| | | Totaal Groothandel / opslag | | 9 | 81 | 11,1% | |
| Retail | niet-K&K | Vers vlees (incl. vleesbereidingen) | | 221 | 3.900 | 5,7% | |
| | | | Vlees (gemengd) | 1 | 4 | 25,0% | |
| | | | Lam | 137 | 864 | 15,9% | |
| | | | Geit | 3 | 36 | 8,3% | |
| | | | Schaap | 2 | 33 | 6,1% | |
| | | | Kalf | 44 | 937 | 4,7% | |
| | | | Rund | 34 | 1.721 | 2,0% | |
| | | | Varken | 0 | 305 | 0,0% | |
| | | | Gehakt vlees (incl. vleesbereidingen) | 79 | 1.520 | 5,2% | |
| | | | Lam | 14 | 69 | 20,3% | |
| | | | Geit | 1 | 6 | 16,7% | |
| | | | Kalf | 3 | 42 | 7,1% | |
| | | | Rund | 58 | 1.135 | 5,1% | |
| | | | Vlees (gemengd) | 1 | 25 | 4,0% | |
| | | | Varken | 2 | 242 | 0,8% | |
| | | | Schaap | 0 | 1 | 0,0% | |
| | Totaal niet-K&K | | | | 300 | 5.420 | 5,5% |
| | | K&K | Vleeswaar - rauw te consumeren | | 16 | 1.199 | 1,3% |
| | | | | Rund | 16 | 1.172 | 1,4% |
| | | | | Vlees (gemengd) | 0 | 13 | 0,0% |
| | | | | Varken | 0 | 4 | 0,0% |
| | | | | Kalf | 0 | 7 | 0,0% |
| | | | | Onbekend | 0 | 2 | 0,0% |
| | | | Paard | 0 | 1 | 0,0% | |
| | | | Vleeswaar - droge / gefermenteerde worst | 0 | 2 | 0,0% | |
| | | Vlees (gemengd) | 0 | 2 | 0,0% | | |
| Totaal K&K | | | | 16 | 1.201 | 1,3% | |
| Totaal Retail | | | | 316 | 6.621 | 4,8% | |
| Totaal NVWA | | | | 678 | 7.563 | 9,0% | |

* Data zoals gerapporteerd aan EFSA, deze wijken dankzij correctie af van data in RIVM rapportage (Opsteegh et al., 2018), [@] Data van 2019-2020, [Ⓔ] Data uit 2020-2021, maar vanwege relevantie meegenomen in deze risicobeoordeling, [#] Import (partijbemonstering, n=5)
¹: K&K is kant-en-klaar

Tabel 13.11 STEC in de grofwildketen. Data NVWA/WFSR (levensmiddelen: detectie in 25 g); 2015-2019.

| Product | Diersoort | # Positief | # Totaal | % Positief |
|-------------------------------------|---------------|------------|-----------|------------|
| Vers vlees (incl. vleesbereidingen) | Buffel | 1 | 1 | 100,0% |
| | Lama | 2 | 4 | 50,0% |
| | Kangoeroe | 11 | 82 | 13,4% |
| | Zebra | 2 | 16 | 12,5% |
| | Bizon | 2 | 17 | 11,8% |
| | Struisvogel | 4 | 86 | 4,7% |
| | Python | 0 | 1 | 0,0% |
| | Hert | 0 | 2 | 0,0% |
| | Krokodil | 0 | 35 | 0,0% |
| | Drommedaris | 0 | 2 | 0,0% |
| | Totaal | | 22 | 246 |

Varken

EFSA beoordeelt in haar opinie met betrekking tot de vleeskeuring van varkens dat varkens geen belangrijke rol spelen bij humane STEC-infecties en dat, hoewel deze pathogeen (in beperkte mate: 0,1-5%) vóórkomt bij op varkensvlees, dit serotypen betreft die niet/minder worden geassocieerd met ziekte bij de mens. Het risico van STEC via consumptie van varkensvlees werd laag ingeschat en STEC heeft daarom geen prioriteit met betrekking tot de vleeskeuring van varkensskarkassen. Wel is aandacht gewenst voor deze dier-pathogeen combinatie (EFSA BIOHAZ Panel, 2011b). Voor de situatie in Nederland zijn diverse studies uitgevoerd om een beter beeld te krijgen van STEC bij varkens.

Varkens zijn gevoelig voor *E. coli*-infectie, waarbij het met name gaat om geboortediarree, spendiarree en oedeemziekte/slingerziekte bij pasgeboren en gespeende biggen. Biggen raken oraal besmet vanuit de omgeving, via mest van zeugen (ook tijdens geboorte) en hokgenoten. Ook kan aerogene transmissie en transmissie door vectoren (vliegen, mens) plaatsvinden. Het gaat hierbij vooral om enterotoxineproducerende *E. coli* (ETEC), maar ook shigatoxine-producerende *E. coli* (STEC) en enteropathogene *E. coli* (EPEC) komen voor (DSM, 2022; GD, 2022b). De bij het varken vóórkommende *E. coli*-soorten zijn vaak varkensspecifiek (Geudeke & Franssen, 2015). STEC die bij varkens ziekte veroorzaakt hebben het *stx2e*-gen. Dit type STEC veroorzaakt zelden infecties bij de mens (EFSA & ECDC, 2021b; Remfry et al., 2021; VetCompendium, 2022).

In 2013 werden in de surveillance van zoönosen bij landbouwhuisdieren vleesvarkensbedrijven in Nederland onderzocht op het vóórkomen van verschillende pathogenen (mestonderzoek) (Zomer et al., 2014). Er werd op 83% van de 183 onderzochte bedrijven STEC aangetroffen. Van stammen waar een serotypering van bekend was (68 isolaten) behoorde er twee (3%) tot de top-5 van serotypen die humaan het meest van belang zijn. Het ging hierbij om O103, die werd aangetroffen op 2 bedrijven (4% van de bedrijven waarvoor een serotypering bekend was). In 2019-2020 werden 147 bedrijven met vleesvarkens bezocht (Vlaanderen et al., 2021). De prevalentie bedroeg toen 59% op bedrijfsniveau (Tabel 13.10, Tabel 13.20). Er werden geen serotypen aangetroffen uit de top-5 humaan meest relevante serotypen.

Van een aantal STEC-isolaten uit de studies uit 2013 en 2019-2020 is ook het type *stx*-gen bepaald. Het merendeel (circa 90%) van de isolaten bevatte het *stx2e*-gen (2013: 91% van 47 isolaten; 2019-2020: 90% van 90 isolaten). Geen van de getypeerde STEC-isolaten uit 2019-2020 was in het bezit van de aanhechtingsgenen *eae*, *aiiC* of *aggR* (persoonlijke communicatie WFSR).

In de EU werden geen andere koppels/bedrijven varkens onderzocht in 2019. Op dier-niveau werd een prevalentie van 54% waargenomen (circa 100 dieren). Van die stammen waar een serotypering van bekend was behoorde er geen tot de top-5 van serotypen die humaan het meest van belang zijn (EFSA & ECDC, 2021b). Een review studie met betrekking tot het aantreffen van STEC in de varkensvleesketen laat

echter zien dat op varkensvlees wel degelijk STEC-serotypen kunnen vóórkomen die wel tot de top-5 humaan relevante soorten horen en dat ook stammen vóórkomen die zowel toxine-genen *stx1* of *stx2* én het aanhechtingsgen *eae* bevatten (Haque et al., 2022).

In de periode 2015-2019 onderzocht de NVWA diverse soorten varkensvlees uit de retail op STEC. Op vers vlees (inclusief vleesbereidingen) werd geen (0%, circa 300 monsters) STEC aangetroffen, in gehakt varkensvlees in 0,8% van de onderzochte monsters (circa 250 monsters). Er werden geen/amper (<10 monsters) rauw-te-consumeren vleeswaren of gedroogde en/of gefermenteerde worsten op deze pathoogeen onderzocht (Tabel 13.10).

Uit data van EFSA over de periode 2007-2009 blijkt de prevalentie van STEC op vers varkensvlees 0,3% te zijn (EFSA BIOHAZ Panel, 2011b). In de periode 2015-2018 werd een STEC-prevalentie van 3% waargenomen op vers varkensvlees (circa 900 monsters) en op kant-en-klare producten van 1% (circa 350 monsters). In 2019 was dat 7% (circa 100 monsters) respectievelijk 0% (circa 150 monsters) (EFSA & ECDC, 2021b).

Een slachthuisstudie (circa 1.500 karkassen) uit de Verenigde Staten laat zien dat STEC (alleen *stx*-positief) en EHEC (*stx-eae* positief) frequent (82-85%) vóórkomt op de huid van varkens aan het begin van de slachtlijn, maar dat dit aan het eind van de slachtlijn is afgenomen tot 5% voor STEC en 2% voor EHEC. Serotypen die werden aangetroffen waren onder andere O157:H7, O121, O8 en O91. Daarnaast blijkt uit deze studie dat er een seizoenstrend zit in voor het vóórkomen van STEC bij varkens, met lagere prevalentie in de winter en hogere prevalenties in zomer en herfst (Nastasijević et al., 2020).

In de periode 2015-2019 werden geen meldingen over het aantreffen van pathogene *E. coli* op vlees en vleesproducten van varkens genotificeerd in RASFF (Tabel 13.28).

Rund

STEC is door EFSA aangemerkt als een hoge prioriteit in het kader van de vleeskeuring, maar met dezelfde kanttekening als bij *Salmonella* dat de inspectie van karkassen zelf een beperkte rol vervult bij het bestrijden van STEC. Wel kan bij de antemortemkeuring gelet worden op zichtbare fecale vervuiling van de dieren, aangezien dit een risicofactor kan zijn voor besmetting van de karkassen tijdens het slachten. Bij de postmortemkeuring dient gelet te worden op fecale bezoedeling van de karkassen (EFSA BIOHAZ Panel, 2013d).

Ook binnen het toezichtskader van de NVWA heeft deze pathoogeen-dier combinatie prioriteit. Er zijn gegevens beschikbaar door de hele keten heen (Tabel 13.10, Tabel 13.21).

In de surveillance van zoönosen bij landbouwhuisdieren zijn in 2017 196 vleesveebedrijven bezocht voor onderzoek naar het vóórkomen van pathogenen (mestonderzoek) en van 194 bedrijven is een STEC-analyseresultaat beschikbaar is (Cuperus et al., 2019). In 2019-2020 werden 184 melkveebedrijven bezocht (mestonderzoek) (Cuperus et al., 2022). Bij 25% van de vleesveebedrijven werd STEC aangetroffen, bij melkvee was dat 21% (Tabel 13.10, Tabel 13.21.). Bij het vleesvee behoorde 16% van de isolaten (8/54) tot serotype O157, het betrof 4% van de onderzochte bedrijven. Bij het melkvee kwam geen O157 voor (0/43).

Van de STEC-isolaten van het vlees- en melkvee (2017, 2019-2020) zijn sero- en virulotyperingen beschikbaar. Bij het vleesvee (54 isolaten) en melkvee (43 isolaten) behoorde 19% respectievelijk 5% tot de top-5 van humaan meest relevante serotypen. Bij het vleesvee was 41% van de isolaten in het bezit van alleen het *stx1* gen, bij het melkvee 49%. De overige stammen hadden of alleen *stx2* (41% respectievelijk 37%) of beide *stx*-subtypen (19% respectievelijk 14%). Het *eae*-gen was bij 24% respectievelijk 51% van de stammen aanwezig (Cuperus et al., 2019).

In de EU werd in 2019 op dier-niveau een STEC-prevalentie van 17% waargenomen (circa 1.500 dieren). Hierbij werden echter twee verschillende STEC-analyse methodes gebruikt. Indien naar STEC-totaal werd gekeken, dan was de prevalentie 28% (circa 800 monsters). Indien alleen de *E. coli* O157 methode werd gebruikt (inclusief screening op *stx*-genen) was dat 3% (circa 700 monsters) (EFSA & ECDC, 2021b).

In verschillende schakels in de keten zijn door de NVWA in de periode 2015-2019 monsters rundvlees genomen en op STEC onderzocht. Op vers kalfsvlees werd op vlees afkomstig van het slachthuis een prevalentie van 17% (circa 200 monsters) waargenomen, op vers vlees en gehakt uit de retail was dit 5% (circa 950 monsters), respectievelijk 7% (circa 50 monsters). Voor rundvlees uit de retail zijn deze prevalenties 2% (circa 1.700 monsters) respectievelijk 5% (circa 1.100 monsters). Van de rauw te consumeren vleeswaar (filet americain, ossenworst, carpaccio et cetera) bleek 1% van de onderzochte monsters (circa 1.200 monsters) STEC te bevatten (Tabel 13.10). Er werd geen onderzoek gedaan naar gedroogde en/of gefermenteerde worst. Wel is bekend dat STEC O157 in staat is meer dan 2 maanden te overleven in gefermenteerde droge worst met een pH van 4,8 (RIVM, 2010a).

De NVWA onderzocht 80 partijen geïmporteerd vers rundvlees (met name biefstuk-achtig vlees) op aanwezigheid van pathogenen (5 monsters per partij). De partijen werden bemonsterd in de groothandel en kwamen met name uit Zuid-Amerika (onder andere Argentinië, Brazilië, Uruguay) en Oceanië (periode 2015-2019). In 11% van de partijen werd STEC aangetroffen (Tabel 13.10).

Op EU-niveau bleek in 2019 3% van het onderzochte vers rundvlees (circa 5.800 monsters) positief voor STEC, waarbij in de retail vaker (4%; circa 1.600 monsters) dan in het slachthuis (3%; circa 3.700 monsters). In kant-en-klare levensmiddelen gemaakt van rundvlees (vleesbereiding, vleesproduct) was de prevalentie 1% (circa 750 monsters) (EFSA & ECDC, 2021b). In de periode 2015-2018 was dat 2% voor vers vlees (circa 9.300 monsters) en 1% voor kant-en-klaar rundvlees (circa 2.200 monsters). Serotypering laat zien dat op rundvlees de serotypen vóórkomen die humaan het meest van belang zijn (O157, O26, O145, O103 en O111) (EFSA & ECDC, 2021b).

In de periode 2015-2019 werden 146 meldingen genotificeerd in RASFF over het aantreffen van pathogene *E. coli* op vlees en vleesproducten van runderen. Het betrof karkassen (n=2, STEC), vers vlees (n=125: 124 STEC, 1 EPEC), gehakt vlees & vleesbereiding (n=11: 7 STEC, 4 EPEC), rauw te consumeren vleesbereidingen (n=3, STEC) en vleesproducten (n=5, STEC) (Tabel 13.28).

De prevalentie bij kalveren is hoger dan bij oudere dieren, met name na het spenen neemt de prevalentie af (Bouwknegt et al., 2004; McCarthy et al., 2021). Niet alleen met de leeftijd, maar ook met het seizoen verandert de uitscheiding van STEC. Dit is hoger in de zomer en lager in de winter (Heuvelink et al., 1998; Milnes et al., 2009; BuRO, 2017a). Deze variatie in de tijd komt overeen met de seizoensvariatie die bij de mens wordt waargenomen, waarbij de piek in augustus ligt (zie Figuur 13.4 in 13.6.3.5.1). Een grafische weergave van de *E. coli* O157 (circa 90% stx-positief) seizoenstrend bij melkvee en vleeskalveren (periode 1999-2002) is gegeven in Bouwknegt et al. (2004).

Kleine herkauwers

EFSA beoordeelt in haar risicobeoordeling met betrekking tot de vleeskeuring van kleine herkauwers dat STEC een hoge prioriteit heeft. Ook hier met dezelfde kanttekeningen als bij runderen, namelijk dat de inspectie van karkassen zelf een beperkte rol vervult bij het bestrijden van STEC. De belangrijkste bron van STEC op het karkas is in het geval van kleine herkauwers de wol/vacht van deze dieren, gevolgd door de ingewanden. EFSA stelt dat bij de antimortemkeuring daarom gelet dient te worden op zichtbare fecale vervuiling van de dieren (bijvoorbeeld schoonmaken, scheren, logistiek slachten), aangezien dit een risicofactor kan zijn voor besmetting van de karkassen met pathogene micro-organismen tijdens het slachten. Ook stelt EFSA dat bij de postmortemkeuring gelet dient te worden op fecale bezoedeling van de karkassen (EFSA BIOHAZ Panel, 2013f).

In de surveillance van zoönosen bij landbouwhuisdieren werd in 2016 bij 182 melkgeitbedrijven en 24 melkschaapbedrijven in Nederland onderzoek gedaan naar het vóórkomen van pathogenen (mestonderzoek) (Opsteegh et al., 2018). Bij 90% van de melkgeitenbedrijven en bij 75% van bedrijven met melkschapen (Tabel 13.10) werd STEC aangetroffen.

De STEC-serotypen die bij kleine herkauwers werden aangetroffen verschilden sterk van die bij de runderen (vlees- en melkvee) werden aangetroffen. Dit beeld komt overeen met wat in de literatuur

wordt beschreven (Cuperus et al., 2019). Van de beschikbare unieke STEC-isolaten (304 isolaten) had 56% alleen het *stx1*-gen, 12% alleen het *stx2*-gen en 32% beide toxinegenen. Het *eae*-aanhechtingsgen werd bij 5% van de isolaten aangetroffen (Opsteegh et al., 2018). Van de stammen behoorde 2% (5 isolaten) tot de top-5 van humaan meest relevante serotypen, waarvan 1 STEC O157:H7 (0,3%).

Op EU-niveau werd in de periode 2004-2011 een prevalentie van STEC op koppelniveau gerapporteerd van 13% bij geiten (circa 50 koppels onderzocht) en 12% bij schapen (circa 250 koppels onderzocht). STEC O157 werd alleen bij schapen aangetroffen (1%). Het aantal onderzochte koppels geiten was echter te beperkt om een dergelijk laag niveau te kunnen waarnemen, zodat op basis van deze data er geen goed inzicht is in de prevalentie van STEC O157 bij geiten. STEC O157 komt namelijk wel bij geiten voor (EFSA BIOHAZ Panel, 2013f).

In 2019 werd in de EU een STEC-prevalentie voor kleine herkauwers 15% op dier-niveau waargenomen (circa 60 dieren) (EFSA & ECDC, 2021b). In de periode 2004-2011 was dat 11% voor geiten (circa 900 dieren) en 4% voor schapen (circa 4.000 dieren); specifiek voor STEC O157 was dat 1% respectievelijk 0,4% (EFSA BIOHAZ Panel, 2013f).

De NVWA onderzocht in de periode 2015-2019 vers vlees (inclusief vleesbereidingen) en gehaktvlees van kleine herkauwers op aanwezigheid van STEC. Op vers lamsvlees (inclusief vleesbereidingen) werd in 16% van de onderzochte monsters (circa 850 monsters) STEC aangetroffen, voor geitenvlees was dat 8% (circa 40 monsters). Van het lamsgehakt was 20% besmet met deze pathogeen (circa 70 monsters). Gehakt van geitenvlees werd amper onderzocht (6 monsters), maar daarvan bleek wel 1 monster (17%) positief voor STEC (Tabel 13.10).

Op EU-niveau vindt niet veel onderzoek plaats naar het vóórkomen van STEC op schapen- en geitenvlees en het weinige onderzoek dat gedaan wordt, beperkt zich tot landen waar de consumptie ervan relatief hoog is. In de periode 2004-2011 werd op 0,4% van de onderzochte schapenkarkassen (circa 250 karkassen) pathogene *E. coli* (STEC O157) aangetroffen. Er werden geen karkassen van geiten onderzocht (EFSA BIOHAZ Panel, 2013f). In 2019 werden door zes landen (waaronder Nederland) ongeveer 800 monsters van vers schapenvlees onderzocht, waarvan 12% positief voor STEC; door twee landen (waaronder Nederland) werd vers geitenvlees (circa 20 monsters) onderzocht waarvan 17% positief voor was voor STEC (EFSA & ECDC, 2021b). In de periode 2015-2018 werd een prevalentie van 10% op vers schapenvlees waargenomen (circa 2.000 monsters) en 11% op vers geitenvlees (circa 50 monsters). Serotypering laat zien dat op vlees van kleine herkauwers serotypen vóórkomen die humaan het meest van relevant zijn (O157, O26 en O103) (EFSA & ECDC, 2021b).

In de periode 2015-2019 werden 18 meldingen over het aantreffen van STEC op vlees en vleesproducten van kleine herkauwers genotificeerd in RASFF (Tabel 13.28). Het betrof alleen schaapsvlees: karkas (n=1), vers vlees (n=15), gehakt vlees & vleesbereidingen (n=2).

Uit een reviewstudie naar het vóórkomen van STEC in de schapenvleesketen blijkt dat de STEC-prevalentie in feces gemiddeld 33% is (range 1-90%), op het karkas 59% (1-82%) en op vers vlees 15% (3-36%). Ook de vacht is een bron van STEC. STEC komt vaker voor bij lammeren dan bij volwassen schapen. Daarnaast zijn er sterke aanwijzingen dat er een seizoenstrend zit in de prevalentie van deze pathogeen bij schapen, waarbij deze pathogeen vaker vóórkomt in de zomer dan in de winter (McCarthy et al., 2021).

Paarden

EFSA stelt in haar opinie over de vleeskeuring van karkassen van paarden dat STEC vóórkomt bij paarden en ook op vlees van deze dieren, maar dat er geen epidemiologisch bewijs is van STEC-infecties veroorzaakt door consumptie van vlees van paarden. Vlees van paarden speelt daarom geen belangrijke rol in de blootstelling van de mens aan STEC (EFSA BIOHAZ Panel, 2013c).

Er is in de periode 2015-2019 door de NVWA geen onderzoek gedaan naar het vóórkomen van STEC bij paarden of vlees van deze dieren.

Op EU-niveau werd in de periode 2007-2011 een STEC-prevalentie op koppel-niveau waargenomen van 0% (circa 20 koppels) en op dier-niveau van 1% (circa 1.100 dieren). Er werden slechts 12 karkassen onderzocht, waarvan geen positief was voor STEC (EFSA BIOHAZ Panel, 2013c). In 2019 werd in de EU beperkt onderzoek (circa 5 monsters) gedaan naar het vóórkomen van STEC op vlees van paarden, waarbij deze pathogeen niet werd aangetroffen (EFSA & ECDC, 2021b).

In de periode 2015-2019 werden geen meldingen genotificeerd in RASFF over het aantreffen van STEC op vlees en vleesproducten van paarden (Tabel 13.28).

Wild zwijn

EFSA stelt in haar opinie over de vleeskeuring van karkassen van gehouden wild dat STEC vóórkomt bij gehouden wilde zwijnen in de EU, maar dat er te weinig epidemiologisch bewijs is van humane STEC-ziektegevallen die zijn veroorzaakt door de consumptie van vlees van wild zwijn. Ook ontbrak het (bijna volledig) aan gegevens over het vóórkomen van STEC bij (gehouden) wilde zwijnen en vlees van wild zwijn (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e).

Net als bij varkens, komt slingerziekte – en dus pathogene *E. coli* – ook voor bij wilde zwijnen, al lijkt dit wel minder frequent voor te komen dan bij varkens (Perrat et al., 2022). Ook STEC wordt bij wilde zwijnen aangetroffen, waarbij STEC-prevalenties van 0% tot 30% worden waargenomen (Mora et al., 2012; EFSA BIOHAZ Panel, 2013e; Alonso et al., 2017; Szczerba-Turek et al., 2019; Tomino et al., 2020). In de studie uit Polen werd bij 4% van de onderzochte wilde zwijnen (circa 150 dieren) *E. coli* O157 (waaronder STEC O157:H7) aangetroffen, ook kwamen stammen voor met het humaan relevante virulotype *stx1* en/of *stx2* positief plus *eae* positief (17%), waaronder ook stammen met *stx2a-eae* (1%) (Szczerba-Turek et al., 2019). Ook andere studies tonen STEC O157 aan bij wild zwijn (Mora et al., 2012; Navarro-Gonzalez et al., 2015).

Gegevens over het vóórkomen van STEC op vlees van wilde zwijnen is beperkt. Een studie uit Spanje toonde deze pathogeen aan in 3% van de onderzochte monsters bevroren vers vlees (circa 40 monsters) en in 10% van de onderzochte gefermenteerde worsten (circa 20 monsters) (Díaz-Sánchez et al., 2012). In Italië werd op 42% van het onderzochte vers vlees van wilde zwijnen (circa 30 monsters) STEC aangetroffen (Peruzy et al., 2022).

Op EU-niveau werd in 2019 beperkt onderzoek gedaan naar het vóórkomen van STEC bij wilde zwijnen en het vlees van deze dieren. Van de circa 60 onderzochte dieren bleek 10% deze pathogeen bij zich te dragen. Ook op vers vlees (circa 25 monsters, 4% positief) en in de onderzochte vleesbereidingen en vleesproducten (circa 10 monsters, 25% positief) werd deze pathogeen aangetoond (EFSA & ECDC, 2021b).

In de periode 2015-2019 deed de NVWA geen onderzoek naar het vóórkomen van STEC bij wilde zwijnen of het vlees van deze dieren. Ook werden in deze periode geen meldingen over het aantreffen van STEC op vlees en vleesproducten van wilde zwijnen genotificeerd in RASFF (Tabel 13.29). In 2021-2022 is in beperkte mate vlees van wilde zwijnen onderzocht, waarbij 40% van de monsters (circa 10 monsters) positief was voor STEC.

Hertachtigen

EFSA stelt in haar opinie over de vleeskeuring van karkassen van gehouden wild dat STEC vóórkomt bij (gehouden) hertachtigen in de EU, maar dat er te weinig data (prevalentiegegevens) zijn om te kunnen beoordelen of deze pathogeen van belang is voor de vleeskeuring van karkassen van gehouden hertachtigen. De conclusie was dat STEC vaak voor lijkt te komen bij hertachtigen, maar dat dit niet gaat om het humaan meest relevantie serotype STEC O157 (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e).

In de EU werd in 2019 voor herten een STEC-prevalentie van 4% op dier-niveau waargenomen (circa 300 dieren) (EFSA & ECDC, 2021b). In de periode 2007-2010 werd in de EU een STEC-prevalentie van 10% op dier-niveau waargenomen voor gehouden hertachtigen (circa 900 dieren, alleen data Duitsland), in de jaren daarvoor werden prevalenties tussen de 10-62% gerapporteerd in Duitsland (feces monsters). Het betrof serotypen die weinig tot nooit bij de mens zijn aangetroffen (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e). Ook in wilde hertachtigen komt STEC voor, waarbij de prevalentie van 0% (circa 50-100 dieren per studie)

tot 50% (circa 40-80 dieren per studie) kan variëren. De stammen zijn vaak in het bezit van het *stx2*-gen, echter zelden in combinatie met het *eae*-gen (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e). Maar de combinatie (onder andere *stx2a-eae* positief) komt wel voor (1%; circa 80-120 dieren) (Mora et al., 2012; Alonso et al., 2017). Ook het serotype O157 komt bij hertachtigen voor (1-3%; circa 30-250 dieren onderzocht) (French et al., 2010; Mora et al., 2012; Szczerba-Turek et al., 2020). Voor Nederland zijn geen data bekend over het vóórkomen van STEC bij hertachtigen.

De NVWA onderzocht in de periode 2015-2019 amper (<5 monsters) hertenvlees en trof daar geen STEC in aan (Tabel 13.11). In 2021-2022 werd beperkt onderzoek gedaan naar vlees van hert en ree. Van het hertenvlees was 26% positief voor STEC (circa 30 monsters onderzocht), van het vlees van reeën 75% (circa 10 monsters onderzocht). Ook op EU-niveau is niet veel data over het vóórkomen van STEC op vlees van hertachtigen beschikbaar. In 2019 werd een prevalentie van 13% waargenomen op vers vlees (circa 60 monsters) en van 11% op vleesbereidingen en vleesproducten (circa 20 monsters) (EFSA & ECDC, 2021b). Een andere studie rapporteerde een prevalentie van 8% op bevroren vlees (circa 50 monsters) en van 3% in gefermenteerde worst (circa 40 monsters) (Díaz-Sánchez et al., 2012).

In de periode 2015-2019 werden zeven meldingen over het aantreffen van STEC op vlees en vleesproducten van hertachtigen genotificeerd in RASFF (Tabel 13.29). Het betrof vers vlees (n=5), gehakt vlees & vleesbereidingen (n=1) en een vleesproduct.

Overige diersoorten

In de EFSA opinie over de vleeskeuring van karkassen van gehouden wild wordt van de overige diersoorten die in deze risicobeoordeling worden meegenomen alleen struisvogel genoemd. STEC werd niet als relevant gevaar beschouwd voor deze diersoort (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e).

De NVWA onderzocht in de periode 2015-2019 struisvogelvlees (circa 90 monsters) en trof daar in 4 gevallen (5%) STEC in aan. Ook vers vlees van andere diersoorten die minder frequent worden gegeten (onder andere krokodil, kangoeroe) werd onderzocht. In 11% van de monsters (niet zijnde hert of struisvogel, circa 160 monsters) werd STEC aangetroffen. Het ging daarbij om de herkauwers buffel, lama, bizon, zebra en kangoeroe (Tabel 13.11).

In 2019 werd in de EU beperkt onderzoek gedaan naar het vóórkomen van STEC bij overige diersoorten of vlees van deze dieren. Er werd bij de circa 10 onderzochte wilde kleine herkauwers (gems, steenbok) geen STEC aangetroffen. Net als op vers vlees van loopvogels (circa 15 monsters) en vers vlees van gehouden en vrij wild (landzoogdieren; circa 5 monsters). In vleesproducten gemaakt van vlees van gehouden en vrij wild (landzoogdieren) werd deze pathogeen wel aangetroffen (circa 30 monsters, 13% positief) (EFSA & ECDC, 2021b).

In de periode 2015-2019 werden 10 meldingen over het aantreffen van STEC op vlees en vleesproducten van overige diersoorten genotificeerd in RASFF (Tabel 13.29). Het betrof vers vlees van kangoeroe (n=8) en wild (n=2).

Ziektegevallen en ziektelast

Ziektegevallen en uitbraken

STEC-infecties zijn in Nederland (binnen gestelde kaders) meldingsplichtig en worden geregistreerd (Tabel 13.37). In 2019 werden 459 patiënten met een STEC-infectie gemeld (Friesema et al., 2020a; Vlaanderen et al., 2020). Het aantal STEC gemelde ziektegevallen in Europa laat over de periode 2015-2019 een toename zien (EFSA & ECDC, 2021b), terwijl in Nederland juist een dalende trend wordt waargenomen (Friesema et al., 2020a). Naast de dalende trend in gemelde infecties, wordt ook steeds minder vaak een patiëntisolaat opgestuurd. In 2019 was dat nog maar bij een kwart (26%) van de patiënten het geval. Dit bemoeilijkt het opsporen van uitbraken en dus het mogelijk voorkómen van nieuwe ziektegevallen. Daarnaast zorgt het er ook voor dat geen goed beeld kan worden verkregen van bij de mens vóórkommende typen STEC en daarmee ook niet van mogelijke (nieuwe dan wel verschuivende) bronnen die aan de infectie ten grondslag liggen. In 2019 ging het om 35 patiënten met STEC O157, 59

met STEC non-O157 en van de overige 365 patiënten is geen typering bekend. Van de non-O157 STEC typen komt O26 het meest frequent voor (17 patiënten) (Friesema et al., 2020a).

In Nederland werden in de periode 2006-2019 11 uitbraken geregistreerd die werden veroorzaakt door STEC, waarvan 5 met een bevestigde voedselbron (*strong evidence*) (Tabel 13.31). Hiervan waren er 3 uitbraken (60%) met 30 zieken door roodvlees. In al deze uitbraken betrof het STEC O157 met filet americain als bron (Friesema et al., 2019a; Friesema et al., 2020c; Friesema et al., 2022). Hiermee was STEC goed voor 9% van de roodvlees gerelateerde uitbraken in die periode (32 uitbraken) (Tabel 13.32).

In de periode 2015-2019 werden in de EU in totaal 35 voedsel gerelateerde STEC-uitbraken geregistreerd. Hierbij waren 812 zieken betrokken, met 198 ziekenhuisopnames en 6 overlijdensgevallen. Van deze uitbraken werd 37% (13) veroorzaakt door roodvlees. Het merendeel door rundvlees(producten) (9; 69%), gevolgd door andere of gemengde roodvleesproducten (4; 31%). Ten opzichte van het totaal aan voedsel gerelateerde STEC-uitbraken werd 37% veroorzaakt door consumptie van roodvlees: 26% door rundvlees en 11% door andere en gemengd roodvlees (Tabel 13.33). Van het totaal door roodvlees veroorzaakt uitbraken (n=500) was het aandeel van STEC 3% (Tabel 13.34).

Ziektegevallen door consumptie van vlees van hertachtigen en wild zwijn zijn niet bekend (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e). Ook uitbraken door consumptie van schapenvlees worden niet/zelden waargenomen (Tabel 13.33). Toch zijn er wel uitbraken beschreven waarbij de bron met STEC besmet schapenvlees was (Espíe et al., 2006; Schimmer et al., 2008).

Ziekteelastschattingen en bronattributie

De ziekteelastschattingen voor STEC in Nederland zijn alleen gebaseerd op STEC O157. In 2019 werden in de actieve STEC O157-surveillance 35 patiënten geregistreerd, waarvan er 13 in het ziekenhuis werden opgenomen. Er waren 2 gevallen met HUS en er werden geen sterfgevallen door STEC gemeld. Op basis van deze gegevens werd geschat dat in 2019 2.100 mensen een STEC O157-infectie opliepen (waarvan er 4 overleden). De geschatte ziekteelast op basis van deze incidentie is 150 DALY en de kosten voor de samenleving € 6 miljoen (4% discontering) voor dat jaar (Lagerweij et al., 2020).

Van STEC non-O157 zijn geen incidentieschattingen bekend. Er waren in 2019 59 patiënten. Uitgaande van een zelfde extrapolatie-factor als voor STEC O157 (factor 60) komt dat neer op circa 3.500 patiënten. Gezien het feit dat infecties van STEC non-O157 gemiddeld gezien milder verlopen dan die van infecties met STEC O157 (Friesema et al., 2020a), zal dit een onderschatting zijn.

De ziekteelast van een infectie met STEC O157 werd in 2019 geschat op 0,07 DALY per ziektegeval (Lagerweij et al., 2020). Van de overige serotypen (non-O157) is geen ziekteelastschatting gemaakt. Deze ligt gemiddeld per ziektegeval echter wat lager dan die van een infectie met STEC O157.

Bronattributie wordt gebruikt om te schatten welk aandeel van de ziektegevallen – en dus van de ziekteelast – aan de verschillende blootstellingsroutes kan worden toegeschreven. Bronattributie schat dat in 2019 37% (56 DALY) van de ziekteelast veroorzaakt door STEC O157 aan voedsel kan worden toegeschreven. Binnen deze 56 DALY aan voedsel geattribueerde ziekteelast van STEC O157 is het aandeel van roodvlees (rund/lam, varken) afgerond 73% (41 DALY, 570 zieken) (Tabel 13.36). Specifiek aan roodvlees wordt 27% van de totale 150 DALY ziekteelast van STEC O157 geattribueerd (Figuur 13.5). Van de totale aan roodvlees geattribueerde ziekteelast (1.600 DALY) wordt 3% aan STEC O157 toegeschreven (Figuur 13.6) en van het totaal aantal roodvlees-gerelateerde ziektegevallen (158.000 zieken) gaat het om minder dan 0,5% van de zieken. Binnen roodvlees vormt rund- en lamsvlees (88%) de belangrijkste bron van een STEC O157-infectie. Grofwild vormt geen onderdeel binnen de uitgevoerde attributieschattingen (Lagerweij et al. (2020) aangepast op basis van Benincà et al. (2021)).

Binnen het ziekteelastattributiemodel wordt alleen gekeken naar STEC O157 en wordt geen onderscheid wordt gemaakt tussen rund en schaap/lam als voedselbron. Er is echter een attributiestudie uitgevoerd naar een bredere groep reservoirs voor alle beschikbare STEC patiëntisolaten voor de periode 2011-2014. Deze studie is ook onderdeel van het ziekteelastattributiemodel. De attributie wordt gedaan op basis van

overeenkomst in genetische eigenschappen van isolaten afkomstig van patiënten en isolaten uit verschillende blootstellingsbronnen. Dit model schat in dat 49% van de patiëntisolaten aan het reservoir rund kan worden toegeschreven, ongeveer een kwart (24%) aan kleine herkauwers en 13% aan varkens. Runderen zijn daarmee het belangrijkste reservoir van waaruit de mens (in Nederland) wordt besmet.

Risicofactoren voor het oplopen van een STEC-infectie zijn consumptie van rundvlees, rauw of niet gaar vlees en gedroogde en/of gefermenteerde worst. Specifiek voor rundvlees gaat het daarbij ook om rauw te consumeren vleesbereidingen (filet americain) en voor kleine herkauwers ook om gehakt (Mughini-Gras et al., 2018).

Om toch een schatting te kunnen doen van het risico van STEC non-O157 infecties met betrekking tot roodvlees, wordt uitgegaan van eenzelfde epidemiologie. Uitgaande van circa 3.500 patiënten, waarvan 37% via voedsel en 73% daarvan aan roodvlees, gaat het om circa 950 patiënten per jaar.

In de FAO/WHO studie met betrekking tot STEC is een overzicht gegeven van de relatieve bijdrage van verschillende levensmiddelen categorieën aan het aantal STEC-uitbraken in de verschillende delen van de wereld. Het merendeel (55-65%) van de uitbraken heeft een onbekende bron. Voor Europa zijn rundvlees (12%) en groenten (11%) de belangrijkste blootstellingsroutes, gevolgd door zuivel (6%). Lams- en schapenvlees draagt maar voor 1% aan de uitbraken, net als vlees van wild (WHO & FAO, 2018).

Beheersmaatregelen

Een effectieve beheersmaatregel is het goed verhitten van vlees voor consumptie en het toepassen van goede hygiëne tijdens de bereiding. Gegeven het feit dat niet al het roodvlees volledig gegaard wordt gegeten, wordt het grootste effect van maatregelen verwacht in de vroegste stadia van de keten, vooral als de besmettingsgraad bij dieren verlaagd kan worden (BuRO, 2015; Uiterwijk et al., 2018).

13.4.4.3 Risicokarakterisatie

- STEC veroorzaakt in Nederland ziektegevallen en ziektelast. Alleen van STEC O157 is hiervan een schatting bekend. Geschat wordt dat het in 2019 2.100 ziektegevallen betrof door STEC O157, waarvan er 4 overleden. De totale ziektelast voor dat jaar wordt geschat op 150 DALY, waarvan het geschatte aandeel van voedsel 37% bedraagt; hiervan wordt 73% toegeschreven aan roodvlees. Het aantal non-O157 ziektegevallen bedraagt ongeveer 3.500, waarvan de ziektelast per casus minder hoog is dan van een O157-infectie.
- STEC wordt aangetroffen bij (alle) landbouwhuisdieren in de roodvleesketen en bij grofwild.
- Niet alle STEC is even virulent en daarmee even relevant voor de humane ziektelast. Het virulotype - zijnde de aanwezigheid van (een combinatie van) toxine-genen (*stx1* en/of *stx2* en het subtype daarin) en aanhechtingsgenen (*eae* en *aggR*) - speelt een rol in de mate van ernst van de symptomen. Het meest relevant voor de humane ziektelast zijn stammen die *stx2-eae* of *stx2-aggR* positief zijn (hoogste risico met betrekking tot HUS). Hoewel het serotype hierin geen voorspellende waarde heeft, komen bij de mens bepaalde serotypen vaker voor en zijn sommige serotypen vaker geassocieerd met ernstigere symptomen.
- In Nederland komt binnen de roodvleesketen STEC op bedrijfsniveau het vaakst voor bij kleine herkauwers (schaap, geit: 75-90%), gevolgd door varkens (~60%) en runderen (20-25%).
- Wat betreft roodvlees is vers lamsvlees (inclusief vleesbereidingen) het vaakst besmet met STEC (16%), gevolgd door vers vlees van rund/kalf (2-5%) en varken (0%).
- Voor gehaktvlees (roodvlees) geldt dezelfde volgorde met respectievelijk 20% voor lamsgehakt, 5-7% runder/kalfsgehakt en 1% voor varkensgehakt.
- Van vlees van geiten zijn te weinig gegevens om een uitspraak over de besmetting met STEC te doen. De prevalentie van deze pathogeen op geitenvlees lijkt mogelijk in de orde van grootte van vlees van lammeren te liggen.
- Rauw te consumeren vleeswaar (vers vlees, vleesbereiding) van rundvlees is in 1% van de gevallen besmet met STEC. Van gedroogde en/of gefermenteerde worst zijn geen gegevens.
- De prevalentie van STEC op vers rundvlees afkomstig uit derde landen (met name Zuid-Amerika en Oceanië) bedraagt 11%.
- Jonge dieren zijn het meest vatbaar voor een infectie met STEC.

- Per diersoort kan de frequentieverdeling van de verschillende virulo- en serotypen van STEC verschillen. Bij runderen komen ten opzichte van de andere diersoorten het meest frequent virulo- en serotypen voor die humaan relevant zijn, daarna bij schapen. De STEC soorten die bij varken vóórkomen zijn vaak varkensspecifiek en het betreft meestal serotypen die humaan niet vaak vóórkomen.
- STEC komt ook voor bij paarden, wilde zwijnen en hertachtigen. Gegevens met betrekking tot deze diersoorten zijn beperkt, dit geldt het meest sterk voor paarden. Bij wilde zwijnen komt, net als bij varkens, STEC voor, maar vermoedelijk minder frequent. Vers vlees van herten lijkt mogelijk frequent besmet (10-20%), maar de STEC-stammen behoren zelden tot de virulotypen die humaan het meest relevant zijn.
- STEC overleeft het proces van volledig garen van vlees niet.
- Op basis van ziektelastschattingen met betrekking tot STEC O157 vormt binnen voedsel consumptie van roodvlees de belangrijkste blootstellingsroute van de mens (~75%), voornamelijk afkomstig van de categorie rund/lam (~90%). Voor infecties veroorzaakt door de hele groep van STEC wordt de helft aan het reservoir rund toegeschreven. Runderen zijn daarmee het belangrijkste reservoir van waaruit de mens (in Nederland) een STEC-infectie oploopt. Een kwart van de infecties wordt toegeschreven aan het reservoir kleine herkauwers en ~15% aan varkens. Gezien de relatief lage consumptie van vlees van kleine herkauwers laat dit zien dat per consumptie (per portie) vlees van kleine herkauwers de grootste kans op het oplopen van een STEC-infectie lijkt te geven.
- Risicofactoren voor het oplopen van een STEC-infectie zijn consumptie van roodvlees, consumptie van vlees dat niet (voldoende) is verhit en consumptie van gedroogde en/of gefermenteerde worst.

STEC wordt als relevant gevaar beschouwd binnen de roodvleesketen voor vlees van varken, rund, schaap, geit, wild zwijn en hertachtigen. Voor vlees van paarden zijn met betrekking tot STEC te weinig gegevens, maar deze diersoort lijkt geen belangrijk reservoir te zijn. Vlees van kleine herkauwers is het vaakst besmet, gevolgd door vlees van varkens en runderen. Niet alle soorten STEC zijn echter humaan even relevant en de frequentieverdeling van relevante soorten verschilt per diersoort. Op populatieniveau is roodvlees de belangrijkste bron van blootstelling, gevolg door vlees van kleine herkauwers en varkens. Vlees van wild zwijn en hert draagt daarin waarschijnlijk niet veel bij. Opvallend is dat gedroogde en/of gefermenteerde worst een rol speelt in de blootstelling van de mens.

Consumptie van roodvlees geeft een risico voor de volksgezondheid met betrekking tot STEC. De ernst van een STEC-infectie wordt gecategoriseerd als middelmatig (10-99 DALY/1.000 cases). De kans op blootstelling aan een hoeveelheid STEC (aantal infectieuze cellen) die relevant is voor de gezondheid (ziekteverwekkend) via consumptie van roodvlees of vlees van grofwild wordt geschat voor STEC O157 als laag (<2.000 cases/jaar). Voor de overige serotypen is deze schatting niet bekend, maar waarschijnlijk laag (<2.000 cases/jaar). De consumptie van vlees van kleine herkauwers (met name schaap/lam) geeft relatief de hoogste kans op een STEC-infectie.

13.4.5 **Yersinia enterocolitica**

13.4.5.1 **Gevarenkarakterisatie**

Yersinia behoort tot de familie van de *Enterobacteriaceae*. Het geslacht *Yersinia* bestaat uit minstens 18 soorten (Tauxe, 2021), waarvan *Yersinia pestis*, *Yersinia pseudotuberculosis* en *Yersinia enterocolitica* ziekte bij de mens kunnen veroorzaken. *Y. pestis* is de verwekker van de pest, deze ziekte komt in Europa niet meer voor en voedsel speelt geen rol in de transmissie naar de mens. Veruit de meeste yersiniose-gevallen in Europa worden door *Y. enterocolitica* veroorzaakt (>99%) en de meeste *Y. pseudotuberculosis*-gevallen die worden waargenomen komen uit Noordoost-Europa (Finland, Rusland) (EFSA, 2007; RIVM, 2022b). In deze risicobeoordeling ligt de focus daarom op *Y. enterocolitica*.

Yersinia spp. veroorzaken yersiniose. De ziekteverschijnselen van yersiniose zijn mild (gastro-enteritis) maar complicaties als reactieve artritis (soms) en sepsis (zeldzaam) komen voor. Het treft vooral (jonge) kinderen (<5 jaar) en kwetsbare groepen waarbij kans op sterfte bij goede behandeling middelmatig is (1:100 – 1:1000) (van Kreijl et al., 2004; EFSA, 2007; ECDC, 2021).

Niet alle stammen van *Y. enterocolitica* zijn echter pathogeen voor de mens. Het biotype is de meest betrouwbare methode om humaan pathogene stammen te onderscheiden van humaan niet-pathogene stammen. Er worden zes biotypen onderscheiden: 1A, 1B, 2, 3, 4 en 5. Serotypering is niet geschikt om onderscheid te maken tussen wel en niet humaan pathogene stammen, omdat verschillende serotypen zowel niet-pathogene als wel-pathogene stammen bevatten (EFSA, 2007).

Biotype 1B is hoog-virulent, biotypen 2 t/m 5 zijn gematigd pathogeen (EFSA, 2007). Biotype 1A werd algemeen beschouwd als niet pathogeen voor de mens (EFSA, 2007), maar ook dit biotype lijkt pathogeen potentieel te hebben (Tennant et al., 2003; Platt-Samoraj, 2022). In Europa komen bij de mens met name biotype 4 (serotype O:3) en biotype 2 (serotype O:9) voor (EFSA, 2007).

Alle stammen van *Y. pseudotuberculosis* worden als potentieel pathogeen beschouwd voor de mens, maar ook voor vele diersoorten. Wilde dieren worden als belangrijkste reservoir van *Y. pseudotuberculosis* beschouwd (EFSA, 2007; ECDC, 2021).

De kans dat inname van een gering aantal kiemen van *Y. enterocolitica* tot ziekte zal leiden is minder groot dan bij pathogenen als *Salmonella* en *Campylobacter* spp. Het aantal cellen dat nodig is om met een gerede kans ziekte te veroorzaken bij de mens wordt geschat op 10.000 – 100.000 (US FDA, 2012). Jonge kinderen (<4 jaar) hebben een verhoogde kans op infectie (ECDC, 2021).

Yersinia handhaaft zich vooral bij lage temperaturen goed op levensmiddelen en groei bij -5 °C zou zelfs mogelijk zijn (Cotruvo et al., 2004; US FDA, 2012) (Tabel 13.16). Op vers vlees (met een normale pH) heeft *Y. enterocolitica* echter moeite met uitgroeien – met name bij lagere temperatuur (<5 °C) - door de aanwezige hoge aantallen psychrotrofe bacteriën. Bij temperaturen vanaf 5 °C en in producten met een hogere pH kan deze pathogeen wel uitgroeien. *Yersinia* spp. overleven pasteurisatie niet (EFSA, 2007). *Yersinia* spp. staan bekend als goede biofilm-vormers (Wang et al., 2017; Capita et al., 2019).

13.4.5.2 Blootstellingsschatting

Besmettingsroutes naar de mens

Voedsel is de belangrijkste bron van yersiniose bij de mens. Varkensvlees is een belangrijke bron, maar ook ander voedsel kan een bron zijn, zoals zuivel, groenten, vis, schaal- en schelpdieren en (ongezuiverd) water. Voedsel kan direct besmet raken door mest die besmet is met humaan pathogene *Yersinia* spp. of indirect via besmette oppervlakken of apparatuur of tijdens de bereiding (kruisbesmetting) (EFSA, 2007; Chlebicz & Slizewska, 2018; ECDC, 2021).

Aantreffen in de keten

Y. enterocolitica komt voor in de mond- en keelholte en het darmkanaal van veel dieren, zoals in het wild levende zoogdieren, landbouwhuisdieren, gezelschapsdieren en vogels. Al deze dieren kunnen reservoir zijn en *Y. enterocolitica* via de mest uitscheiden. Ook in aarde en water wordt deze pathogeen aangetroffen (Cotruvo et al., 2004; EFSA, 2007; Quinn et al., 2011; RIVM, 2022b).

Biotypen die in de EU voor de mens relevant zijn (biotype 4 en biotype 2) komen echter zelden voor in het milieu. Dieren (varken, rund) zijn het belangrijkste reservoir van deze biotypen. Terwijl in het milieu, maar ook bij veel dieren, de mens en op voedsel biotype 1A wijdverspreid vóórkomt. Biotype 1B komt voornamelijk voor in Noord-Amerika en Japan en zelden in Europa. Dit biotype komt ook in het milieu (inclusief water) voor. De epidemiologie van dit biotype wijkt daarom af van de biotypen die in Europa ziekte bij de mens veroorzaken. Biotype 3 komt weinig voor en biotype 5 is extreem zeldzaam (EFSA, 2007).

Infecties met *Y. enterocolitica* in (landbouwhuis)dieren verlopen meestal zonder symptomen (Quinn et al., 2011; GD, 2022b).

Tabel 13.12 Yersinia in de roodvlees- en grofwildketen. Data GD en DWHC (€); 2015-2019.

| Ketenschakel | Product | Diersoort | | # Positief | # Totaal | % Positief |
|---------------|---------|-------------------|------------|------------|---------------|-------------|
| Boerderij | Dier | Wild [€] | Pathologie | 18 | 334 | 5,4% |
| | | Schaap | Pathologie | 7 | 1.907 | 0,4% |
| | | Geit | Pathologie | 3 | 1.678 | 0,2% |
| | | Big | Pathologie | 5 | 6.973 | 0,1% |
| | | Rund | Pathologie | 7 | 12.700 | 0,1% |
| | | | Melk | 1 | 37.554 | 0,0% |
| | | Varken | Pathologie | 0 | 4.874 | 0,0% |
| Totaal | | | | 41 | 66.020 | 0,1% |

[€] Data DWHC

Varken

EFSA heeft in haar opinie over de vleeskeuring van varkensskarkassen *Y. enterocolitica* geïnventariseerd als relevant gevaar. Het belang van deze pathogeen voor de keuring is geprioriteerd als “medium”, op basis van frequentie van aantreffen op vers vlees en/of karkassen van varkens (medium: 0,1-5%), het vóórkomen van yersiniose bij de mens (medium: 1-10/100.000 inwoners) en de ernst van de aandoening (mortaliteit ≤0,1%) (EFSA BIOHAZ Panel, 2011b).

In Nederland vindt de laatste jaren geen standaard monitoring van *Yersinia* spp. in landbouwhuisdieren plaats. In de periode 1998-2010 is door de NVWA wel een aantal keer naar aanwezigheid van *Y. enterocolitica* bij slachtvarkens (tonsillen) gekeken. Waargenomen prevalenties waren 22% (1998), 14% (2002), 9% (2006; (de Boer et al., 2008)) en 27% in 2010-2011 (circa 350 monsters). In 2010-2011 werd voornamelijk serotype O:3 (89%) aangetroffen, gevolgd door O:5 (9,5%) en O:9 (0,5%). Goede vergelijking tussen de jaren is echter niet mogelijk door verschil in monsternamen en analysetechnieken. In 2019-2020 werd een zoonosesurveillance bij mestvarkensbedrijven uitgevoerd. In een aanvullende analyse is met PCR naar het vóórkomen van (humaan pathogene) *Y. enterocolitica* gekeken. Van 134 bedrijven konden mestmonsters worden onderzocht. Op 31% van de bedrijven kwam deze bacterie voor en bij 15% werd humaan pathogene *Y. enterocolitica* aangetroffen (Castelijm, 2022).

Wel vindt er laboratoriumonderzoek op *Yersinia* spp. plaats tijdens pathologisch onderzoek van de GD. In de periode 2015-2019 werd in 0,04% van de onderzochte varkenskadavers (circa 12.000 dieren) *Yersinia* spp. aangetroffen. Dit betrof echter alleen biggen. Voor ter sectie aangeboden biggen komt de prevalentie daarmee op 0,1% (circa 7.000 biggen) (Tabel 13.12).

Data op EU-niveau naar het vóórkomen van *Y. enterocolitica* bij varkens berust voor 2019 vooral op pathologisch onderzoek, waarvan 80% door Nederland is aangeleverd. Daarmee is de waargenomen *Y. enterocolitica*-prevalentie met 0,1% (circa 2.600 dieren) gelijk aan die in Nederland (EFSA & ECDC, 2021b). In een studie uit België werd bij 29% van de onderzochte slachtvarkens (circa 7.000 dieren) *Y. enterocolitica* serotype O:3 aangetroffen (tonsillen). De dieren waren afkomstig van verschillende bedrijven (circa 100 bedrijven), waarbij de prevalentie op bedrijfsniveau 85% bedroeg (Vanantwerpen et al., 2014).

In een literatuurstudie uitgevoerd door van der Berg & Castelijm (2021) is gekeken naar het vóórkomen van *Yersinia* spp. in de varkensketen. In bloed van varkens worden IgG-seroprevalenties gerapporteerd tussen de 64-72%. Op dierniveau worden *Yersinia*-prevalenties tussen 2-70% gerapporteerd op basis van metingen in tonsillen en van 17-26% voor metingen in mest (van der Berg & Castelijm, 2021). Het betreft hier *Yersinia* spp. en niet alleen de soorten die humaan relevant zijn.

Onderzoek naar de relatie tussen seropositiviteit en het aantreffen van pathogene *Yersinia* spp. (*Y. enterocolitica* serotype O:3 en *Y. pseudotuberculosis*) laat zien dat aanwezigheid van deze pathogenen in de tonsillen goed correleert met serologie, maar dat omgekeerd niet alle serologische positieve dieren positief zijn in de tonsillen. En dat er geen correlatie is tussen serologie en aanwezigheid van deze

pathogenen in mest (Van Damme et al., 2014). In dit onderzoek was 65% van de dieren serologisch positief; bij 44% werd pathogene *Yersinia* spp. in de tonsillen aangetroffen en bij 8% in de mest. Tonsillen worden overigens verwijderd bij de slacht.

Voor varkensarkassen werden in de literatuur meestal prevalenties van *Yersinia* spp. gerapporteerd tussen de 0,3-15%, maar ook 40% komt voor. Deze variatie op karkas-niveau wordt deels veroorzaakt door het verschil in methoden (van der Berg & Castelijns, 2021). Het betreft hier *Yersinia* spp. en niet alleen de soorten die humaan relevant zijn.

Onderzoek uit België naar de distributie van pathogene *Yersinia* spp. (*Y. enterocolitica* serotype O:3 en *Y. pseudotuberculosis*) tijdens het slachtproces laat zien dat *Y. enterocolitica* serotype O:3 bij 55% van de dieren vóórkam in de tonsillen en bij 26% in de mest (in totaal 63% van de dieren positief) en dat van de karkassen 40% besmet was (per 400 cm²). Voor *Y. pseudotuberculosis* was dat respectievelijk 1,4%, 0,6% (totaal 0,9%) en 0,3% (Van Damme et al., 2015). Opvallend hieraan is dat België in de EU-rapportage van 2018 en 2019 een *Y. enterocolitica*-prevalentie van 1-2% rapporteert op karkasniveau (per 600 cm²) (EFSA & ECDC, 2019;2021b).

Yersinia spp. worden vaak aangetroffen in de mondholte en tonsillen (bij dieren die positief zijn). Tonsillen worden (gedeeltelijk) verwijderd met de ingewanden, waardoor de eetbare delen hiervan makkelijk besmet raken. Onderdelen zoals tong, lever en hart zijn daardoor vaker en hoger besmet dan het karkas zelf (EFSA, 2007).

Voor varkensvlees liggen de meeste waargenomen *Yersinia*-prevalenties in de range van 0-17%, maar ook 40% komt voor (van der Berg & Castelijns, 2021). In deze literatuurstudie is geen onderscheid gemaakt tussen de verschillende species van *Yersinia*, zodat onduidelijk is welk aandeel *Y. enterocolitica* - en de relevante biotypen in het bijzonder - daarin hebben.

In de periode 2015-2019 werd in de EU *Y. enterocolitica* aangetroffen in 9% van de onderzochte niet-kant-en-klare varkensvlees(producten) (circa 2.100 monsters), in geen (0%) van de kant-en-klare varkensvlees(producten) (circa 50 monsters) en in 8% van de kant-en-klare gemengd-vlees(producten) (mix van varken- en rundvlees, circa 900 monsters) (EFSA & ECDC, 2021b).

In de periode 2015-2019 werden geen meldingen over het aantreffen van (pathogene) *Yersinia* spp. op vlees en vleesproducten van varkens genotificeerd in RASFF (Tabel 13.28).

Varkens zijn echter de belangrijkste bron van humaan pathogene *Y. enterocolitica*. Bij andere landbouw-huisdieren dan varkens komt het humaan relevante serotype O:3 zelden voor (Vanantwerpen et al., 2013). Dit wordt ook onderschreven door een studie uit Groot Brittannië, waarin alleen bij varkens de humaan relevante biotypen (biotype 2 en 4) werden aangetroffen en niet bij runderen en schapen (Milnes et al., 2008).

In een andere studie uit Groot Brittannië (slachthuis, fecesonderzoek) werd een seizoensafhankelijkheid waargenomen voor het aantreffen van *Y. enterocolitica* bij varkens, waarbij dit vaker in de winter en het voorjaar was (december-mei) dan in de rest van het jaar (Milnes et al., 2009).

Rund

EFSA heeft in haar opinie over de vleeskeuring met betrekking tot runderkarkassen *Y. enterocolitica* niet geïnventariseerd als gevaar dat via de consumptie van rundvlees tot ziekte bij de mens leidt (EFSA BIOHAZ Panel, 2013d). Wel kunnen runderen reservoir zijn voor de humaan relevante biotypen van *Y. enterocolitica* (biotype 4, biotype 2) (EFSA, 2007). Consumptie van rauwe koemelk is wel geassocieerd met ziektegevallen veroorzaakt door deze pathogeen (EFSA, 2007; EFSA BIOHAZ Panel, 2013d; BuRO, 2017a).

Er zijn geen data beschikbaar over het vóórkomen van *Yersinia* spp. bij runderen en rundvlees in Nederland anders dan het pathologisch onderzoek dat door de GD wordt uitgevoerd. In Nederland werden in de periode 2015-2019 bij 0,1% van de onderzochte runderen (circa 12.700 dieren) *Yersinia* spp. aangetroffen (Tabel 13.12).

In de EU (2019) was het onderzoek naar het vóórkomen van *Yersinia* spp., bij runderen beperkt tot klinisch onderzoek dan wel “suspect sampling”. Voor runderen werd op kudde-niveau op basis van deze selectieve monsternamestrategie een prevalentie van 6% waargenomen (circa 100 *herds/flocks*), op dierniveau was dat 1% (circa 15.500 dieren) (EFSA & ECDC, 2021b).

In de periode 2015-2019 werd in de EU *Y. enterocolitica* aangetroffen in 4% van niet-kant-en-klare rundvlees(producten) (circa 25 monsters) (EFSA & ECDC, 2021b). In de periode 2015-2019 werden geen meldingen over het aantreffen van (pathogene) *Yersinia* spp. op vlees en vleesproducten van runderen genotificeerd in RASFF (Tabel 13.28).

In de literatuurstudie uitgevoerd door van der Berg & Castelijin (2021) werden twee studies gevonden met betrekking tot het vóórkomen van *Yersinia* spp. op vlees van runderen. De in deze studies genoemde prevalenties waren 7% (circa 150 monsters) en 21% (circa 100 monsters).

In een studie uit Groot Brittannië (slachthuis, fecesonderzoek) werd *Y. enterocolitica* aangetroffen bij runderen (5%; circa 680 dieren), waarbij dit vaker in de winter en het voorjaar was (december-mei) dan in de rest van het jaar (Milnes et al., 2009).

Kleine herkauwers

EFSA geeft in haar opinie over de prioritering van biologische gevaren met betrekking tot de keuring van karkassen van kleine herkauwers aan dat *Y. enterocolitica* wel vóórkomt bij kleine herkauwers, maar dat er geen bewijs is dat deze pathogeen via consumptie van vlees van kleine herkauwers humane ziektegevallen veroorzaakt en daarmee dat deze pathogeen niet van belang is voor de vleeskeuring van deze dieren (EFSA BIOHAZ Panel, 2013f).

Er zijn geen data beschikbaar over het vóórkomen van *Yersinia* spp. bij kleine herkauwers en vlees van deze dieren in Nederland anders dan het pathologisch onderzoek dat door de GD wordt uitgevoerd. In dat onderzoek werden in de periode 2015-2019 bij 0,4% van de onderzochte schapenkadavers (circa 1.900 dieren) en 0,2% onderzochte geiten (circa 1.700 dieren) *Yersinia* spp. aangetroffen (Tabel 13.12).

In de EU (2019) was het onderzoek naar het vóórkomen van *Yersinia* spp. bij kleine herkauwers beperkt tot klinisch onderzoek dan wel “suspect sampling”. Voor schapen werd op kudde-niveau op basis van deze selectieve monsternamestrategie een prevalentie van 17% waargenomen (circa 130 *herds/flocks*), op dierniveau was dat 2% (circa 1.800 dieren). Voor geiten was dat 0% (circa 20 *herds/flocks*) respectievelijk 2% (circa 400 dieren) (EFSA & ECDC, 2021b).

Op vers vlees van schapen werd in de EU (2019) een *Yersinia*-prevalentie waargenomen van 31% (circa 30 monsters). Geitenvlees werd niet onderzocht (EFSA & ECDC, 2021b). In de periode 2015-2019 werden geen meldingen over het aantreffen van (pathogene) *Yersinia* spp. op vlees en vleesproducten van kleine herkauwers genotificeerd in RASFF (Tabel 13.28).

In de literatuurstudie van van der Berg & Castelijin (2021) naar het vóórkomen van *Yersinia* spp. in de roodvleesketen werd één studie gevonden met betrekking tot kleine herkauwers. In het beperkt aantal onderzochte monsters (circa 80 monsters) werden geen *Yersinia* spp. aangetroffen. In een studie uit Zweden werd bij 35% van de onderzochte schapen (circa 100 dieren) *Y. enterocolitica* aangetroffen. Typering van isolaten toonde aan dat alle *Y. enterocolitica* isolaten tot het (humaan niet-pathogene) biotype 1A behoorde (Söderqvist et al., 2012). In een studie uit Australië werd alleen biotype 5 aangetoond (Philbey et al., 1991). In een studie uit Groot Brittannië werden alleen biotype 1A (61%) en biotype 3 (39%) aangetroffen (Milnes et al., 2008). In een andere studie uit Groot Brittannië (slachthuis, fecesonderzoek) werd *Y. enterocolitica* aangetroffen bij 8% van de onderzochte schapen (circa 720 dieren), waarbij dit vaker in de winter en het voorjaar was (december-mei) dan in de rest van het jaar (Milnes et al., 2009).

Paarden

EFSA stelt, in haar opinie over de vleeskeuring van karkassen van paarden (eenhoevigen), dat *Y. enterocolitica* vóórkomt bij paarden in de EU en dat er bewijs is dat vlees van paarden betrokken is als bron van humane yersiniose-gevallen. Door de lage incidentie (<1/100.000 inwoners) en de lage ernst van de symptomen (mortaliteit $\leq 0,1\%$, ~40-50 DALY/1.000 ziektegevallen) werd *Y. enterocolitica* gecategoriseerd als een gevaar met lage prioriteit in het kader van de vleeskeuring van paarden (EFSA BIOHAZ Panel, 2013c).

Op EU-niveau werd in de periode 2007-2011 bij eenhoevigen een *Y. enterocolitica*-prevalentie op dier-niveau waargenomen van 0,02% (circa 11.200 dieren). Er waren geen data op koppel-niveau beschikbaar en van karkassen werden er minder dan 10 onderzocht (allen negatief) (EFSA BIOHAZ Panel, 2013c). In de EU (2019) was het onderzoek naar het vóórkomen van *Yersinia* spp. bij Paarden beperkt tot klinisch onderzoek dan wel "suspect sampling". Op dierniveau werd op basis van deze selectieve monsternamenstrategie een prevalentie van 2% waargenomen (circa 140 dieren). Er zijn geen gegevens op kudde-niveau (EFSA & ECDC, 2021b).

In de EU (2019) werd weinig onderzoek gedaan naar het vóórkomen van *Yersinia* spp. op vlees van paarden. Deze bacteriesoort werd niet aangetroffen in de daarop onderzocht monsters (circa 5 monsters) (EFSA & ECDC, 2021b). In de periode 2015-2019 werden geen meldingen over het aantreffen van (pathogene) *Yersinia* spp. op vlees en vleesproducten van paarden genotificeerd in RASFF (Tabel 13.28).

In de literatuurstudie van van der Berg & Castelijin (2021) werden geen data over paarden gevonden.

Wild zwijn

EFSA heeft, in haar opinie over de vleeskeuring met betrekking tot karkassen van wild zwijn, *Y. enterocolitica* geïnventariseerd als relevant gevaar: het komt voor op vlees van wild zwijn in de EU en er is bewijs dat vlees van wild zwijn bron van humane yersiniose kan zijn. Het belang van deze pathogeen voor de keuring is geprioriteerd als "laag", op basis van het vóórkomen van yersiniose bij de mens (laag: <1/100.000 inwoners) en de ernst van de aandoening (lage mortaliteit: $\leq 0,1\%$) (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e).

Er zijn geen gegevens over het vóórkomen van *Yersinia* spp. bij wilde zwijnen of op vlees(producten) van deze dieren in Nederland (2015-2019). In de EU (2019) werd bij wilde zwijnen op dierniveau een *Yersinia*-prevalentie waargenomen van 31% (circa 70 dieren; *survey/monitoring, objective/unspecified sampling*) (EFSA & ECDC, 2021b). In een reviewstudie van Ruiz-Fons (2017) worden prevalenties tussen de 4% en 63% voor studies uit Europa genoemd. Dit komt overeen met wat in de EU is gerapporteerd. Zo werd in 2010 door EFSA een prevalentie van 34% gerapporteerd, in 2018 van 2% (circa 100 dieren; Italië) en 2019 van 10% (circa 150 dieren; Italië) (EFSA & ECDC, 2012;2019;2021b). In een studie uit Italië werd op 75% van het onderzochte vers vlees van wilde zwijnen (circa 30 monsters) *Y. enterocolitica* aangetroffen. In 29% ging het om pathogene *Y. enterocolitica* (21% van de monsters) (Peruzy et al., 2022).

Ook in het literatuuronderzoek van van der Berg & Castelijin (2021) met data uit Italië, Zweden en Polen uit de periode 2013-2017 werden prevalenties gerapporteerd die variëren tussen 14% en 55%. De studies bevatten echter circa 20-140 dieren en de onderzochte matrices (vlees, tonsillen en diverse andere plekken van het karkas, feces) en de hoeveelheid monsters per dier (alleen vlees vs. Meerdere onderdelen van het karkas inclusief feces) verschillen. De studies tonen echter wel aan dat *Yersinia* spp. vóórkomen bij wilde zwijnen.

Het onderzoek van vers vlees van wilde zwijnen op EU-niveau was in 2019 beperkt (<5 monsters) en in deze monsters werd geen *Yersinia* spp. aangetroffen (EFSA & ECDC, 2021b). In de periode 2015-2019 werden geen meldingen over het aantreffen van (pathogene) *Yersinia* spp. op vlees en vleesproducten van wild zwijn genotificeerd in RASFF (Tabel 13.28).

Hertachtigen

EFSA heeft haar opinie over de vleeskeuring met betrekking tot karkassen van hertachtigen *Y. enterocolitica* geïnventariseerd als relevant gevaar: het komt voor op vlees van hertachtigen in de EU en er is bewijs dat vlees van hertachtigen bron van humane yersiniose kan zijn. Het belang van deze pathogeen voor de keuring is geprioriteerd als “laag”, op basis van het vóórkomen van yersiniose bij de mens (laag: <1/100.000 inwoners) en de ernst van de aandoening (lage mortaliteit: ≤0,1%) (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e).

In Nederland werd in de periode 2015-2019 pathologisch onderzoek verricht op wild (diersoort onbekend). Bij 5% van de onderzochte dieren (circa 350 dieren) werden *Yersinia* spp. aangetroffen (Tabel 13.12). In de EU (2019) werd bij hertachtigen op dierniveau een prevalentie waargenomen van 13% (circa 250 dieren; geen klinisch onderzoek, geen *suspect/selective sampling*). Indien de onderzochte matrix organen/weefsel was, dan lag de prevalentie op 64% (circa 10 dieren). De overige monstermatrices zijn niet gespecificeerd, maar de prevalentie lag lager: 10% (circa 240 monsters) (EFSA & ECDC, 2021b). De literatuurstudie van van der Berg & Castelijin (2021) omvat twee publicaties met betrekking tot het vóórkomen van *Yersinia* spp. bij hertachtigen. De studies omvatten een te klein aantal dieren (<50 dieren) om een goede uitspraak te kunnen doen over de mate waarin *Yersinia* spp. vóórkomen bij deze dieren.

In 2019 werd op EU-niveau geen vers vlees van herten onderzocht (EFSA & ECDC, 2021b). In de periode 2015-2019 werden geen meldingen over het aantreffen van (pathogene) *Yersinia* spp. op vlees en vleesproducten van hertachtigen genotificeerd in RASFF (Tabel 13.28).

Overige diersoorten

Y. enterocolitica is door EFSA niet geïnventariseerd als relevant gevaar via vlees van struisvogel vanwege gebrek aan bewijs dat deze bacterie vóórkomt in gehouden struisvogels in Europa (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e).

In de EU (2019) werden wilde kleine herkauwers (steenbok, mouflon et cetera) onderzocht op *Yersinia* spp. Deze bacteriesoort werd niet aangetroffen (circa 170 dieren, klinisch onderzoek, monitoring) (EFSA & ECDC, 2021b).

Ziektegevallen en ziektelast

Ziektegevallen en uitbraken

Yersinia spp. zijn in 2019 in de EU na *Campylobacter* spp., *Salmonella* en STEC de meest vóórkomende zoönoseverwekkers bij de mens (EFSA & ECDC, 2021b). In Nederland is yersiniose niet meldingsplichtig en sinds het stoppen van surveillance in 1996 is geen zicht meer op het aantal yersiniose-gevallen in Nederland. In de periode 1991-1996 was de jaarlijkse incidentie gemiddeld 1,2 per 100.000 inwoners (van Pelt et al., 2003). In ons omliggende landen zijn wel incidentiegegevens beschikbaar. Het is aannemelijk dat de incidentie in Nederland ook een dergelijke orde van grootte heeft. Uitgaande van het gemiddelde van deze drie landen (incidentie van 3,5/100.000 inwoners) zal het dan om 611 waargenomen yersiniose-gevallen per jaar in Nederland gaan. Geschat wordt – door BuRO – dat dit overeenkomt met in totaal 8.700 ziektegevallen/jaar in Nederland (Tabel 13.36).

In Nederland zijn in de periode 2006-2019 geen uitbraken van *Yersinia* spp. gerapporteerd (Tabel 13.31).

De meeste yersiniose-gevallen in de EU zijn sporadische gevallen, die niet aan een uitbraak zijn gekoppeld. In de EU waren in de periode 2015-2019 in totaal acht aan voedsel gerelateerde uitbraken van *Yersinia* spp., met 181 zieken, 10 ziekenhuisopnames en 0 overlijdensgevallen. Hiervan werden twee uitbraken (25%) toegeschreven aan roodvlees: beiden aan varkensvlees(producten) (Tabel 13.32). In de periode 2010-2019 waren varkensvlees en groenten de meest vóórkomende bron van yersiniose-uitbraken (beide drie uitbraken). De twee uitbraken van *Yersinia* spp. in 2019 representeerden 0,4% van de in totaal 500 uitbraken gerelateerd aan roodvlees in dat jaar (Tabel 13.34).

In Europa komen bij de mens met name biotype 4 (serotype O:3) en biotype 2 (serotype O:9) voor, waarbij in de meeste lidstaten biotype 4 dominant is (EFSA, 2007). Er zit geen duidelijke seizoenstrend in de yersiniose-gevallen in Europa, maar in mei zijn de aantallen meestal wat hoger (ECDC, 2021).

Ziekteelastschattingen en bronattributie

Yersinia spp. zijn niet opgenomen in het ziekteelastschattingenmodel van het RIVM. Er is daarom geen schatting van de ziekteelast voor Nederland bekend. Er kan echter een grove schatting worden gemaakt gebruikmakend van het ziekteelastschattingenmodel uit Denemarken. De ziekteelast voor de Deense situatie wordt geschat op 3 DALY/100 infecties (Pires et al., 2020). Dit komt overeen met de aanname van EFSA dat de ziekteelast van een *Yersinia*-infectie in dezelfde orde van grootte ligt als die van een *Salmonella*-infectie (EFSA BIOHAZ Panel, 2013a). Verder is de aanname dat blootstelling volledig via voedsel loopt (Pires et al., 2020). Uitgaande van het hierboven geschatte aantal cases per jaar (8.700 cases) zou dat voor de situatie in Nederland zou dat uitkomen op circa 260 DALY/jaar.

Er zijn in Nederland ook geen bronattributiestudies uitgevoerd voor *Y. enterocolitica*. Er is daarom in de literatuur naar risicofactoren gezocht. In een meta-analyse naar niet-uitbraak gerelateerde infecties met *Y. enterocolitica* uitgevoerd door Guillier et al. (2021) (publicaties 1987-2017: voornamelijk EU-data, 14 case-control studies) komt varken als belangrijkste reservoir naar voren. Risicofactoren zijn beroepsmatig contact met varkens en consumptie van varkensvlees, waarbij het vooral gaat om rauw of niet goed gegaard varkensvlees. Daarnaast bleek consumptie van onbehandeld drinkwater een risicofactor. Kinderen lopen een grotere kans om een infectie op te lopen, een beeld dat ook in de VS wordt gezien (CDC, 2016). In de VS is rauw of onvoldoende gegaard varkensvlees de belangrijkste bron van yersiniose, waarbij *chitlins/chitterlings* (varkensdarm) een specifiek risicoproduct is. In een studie uit Duitsland wordt specifiek de consumptie van rauw varkensgehakt, orgaanvlees en metworst (rauw te consumeren vleesbereiding van varkensvlees) als risicofactor genoemd, evenals het thuis bereiden van varkensgehakt (Rosner et al., 2010).

Beheersmaatregelen

Een effectieve beheersmaatregel is het goed verhitten van vlees voor consumptie en het toepassen van goede hygiëne tijdens de bereiding. Gegeven het feit dat niet al het roodvlees volledig gegaard wordt gegeten en vlees niet de enige blootstellingsroute is, wordt het grootste effect van maatregelen verwacht in de vroegste stadia van de keten, vooral als de besmettingsgraad bij dieren (varkens) verlaagd kan worden.

13.4.5.3 Risicokarakterisatie

- *Yersinia* spp. veroorzaken in Nederland ziektegevallen en ziekteelast. Onbekend is in welke mate, omdat er in Nederland geen inzicht is in het aantal yersiniose-gevallen en de daarbij behorende ziekteelast. Op basis van gegevens uit ons omringende landen zal het om circa 8.700 ziektegevallen per jaar met een totale ziekteelast van ongeveer 260 DALY per jaar.
- *Yersinia* spp. worden aangetroffen bij alle landbouwhuisdieren uit de roodvleesketen en bij grofwild.
- Niet alle *Yersinia* spp. veroorzaken yersiniose bij de mens. Dit geldt alleen voor *Y. enterocolitica* en *Y. pseudotuberculosis*. In de EU worden de meeste yersiniose-gevallen (99%) veroorzaakt door *Y. enterocolitica*.
- *Y. enterocolitica* is onderverdeeld in biotypen en serotypen. Het biotype voorspelt het best het ziekteverwekkende vermogen bij de mens. In de EU zijn biotype 4 (serotype O:3) en biotype 2 (serotype O:9) humaan relevant. Dieren (varken, rund) zijn het belangrijkste reservoir van deze biotypen. Biotype 1A komt (ook in de EU) algemeen voor bij mens, dier, voedsel en in het milieu. Dit biotype werd algemeen als niet-pathogeen beschouwd voor de mens, maar dat standpunt lijkt te veranderen. Andere biotypen (1B, 3 en 5) zijn voor de EU minder relevant.
- In de meeste prevalentiestudies (dier, voedsel) wordt naar *Yersinia* spp. of *Y. enterocolitica* gekeken en niet specifiek naar de humaan relevante soorten of biotypen. Het is daardoor niet mogelijk een goed beeld te vormen in welke mate de humaan-pathogene soorten bij dieren of op vlees(producten) van deze dieren vóórkomen.
- Wel is duidelijk dat varkens de belangrijkste bron van humaan pathogene *Y. enterocolitica* zijn en dat deze pathogeen ook bij wilde zwijnen vóórkomt. Bij de andere diersoorten worden *Yersinia* spp. en/of *Y. enterocolitica* (al dan niet humaan pathogeen) over het algemeen minder vaak aangetroffen.
- Uitbraken van yersiniose komen niet vaak voor in de EU, maar vlees van varkens is een belangrijke bron.

- De belangrijkste risicofactoren voor het oplopen van niet-uitbraak gerelateerde yersiniose in de EU zijn beroepsmatig contact met varkens en het eten van rauw of onvoldoende gegaard varkensvlees.
- *Yersinia* spp. kunnen groeien bij koelkasttemperatuur (<7 °C). Het proces van volledig garen van vlees overleeft deze pathogeen niet.

Pathogene *Yersinia* spp. (met name *Y. enterocolitica*) worden beschouwd als relevant gevaar binnen de roodvlees- en grofwildketen voor vlees van varkens en wild zwijn. In de EU is vlees van varkens een belangrijke blootstellingsroute van de mens aan pathogene *Yersinia* spp. De bijdrage van vlees van wild zwijn aan de blootstelling aan pathogene *Yersinia* spp. is onbekend, maar op populatieniveau niet van belang door de lage consumptie van dit type vlees.

Consumptie van roodvlees en grofwild geeft een risico voor de volksgezondheid met betrekking tot pathogene *Yersinia enterocolitica*. De ernst van yersiniose wordt gecategoriseerd als middelmatig (10-99 DALY/1.000 cases). De kans op blootstelling aan een hoeveelheid *Y. enterocolitica* (infectieuze cellen) die relevant is voor de gezondheid (ziekteverwekkend) wordt voor varkensvlees geschat als hoog (>2.000 cases/jaar), voor vlees van wild zwijn en de andere diersoorten zeer waarschijnlijk als laag (<2.000 cases/jaar).

13.4.6 Hepatitis E-virus

13.4.6.1 Gevarenkarakterisatie

Hepatitis E-virus (HEV) is een enkelstrengs RNA virus uit de familie van Hepevirussen met zeven genotypen, waarbij van vier genotypen (HEV-1, HEV-2, HEV-3 en HEV-4) bekend is dat zij mensen kunnen infecteren. Daarnaast is er nog HEV-7 die bij kamelen voorkomt en ook bij de mens (Midden-Oosten) is aangetroffen. HEV-1 en HEV-2 hebben de mens als reservoir en worden geassocieerd met uitbraken via verontreinigd water, HEV-3 en HEV-4 komen bij de mens en meerdere dieren voor (zoönotische overdracht).

In Europa worden autochtone HEV-infecties voornamelijk veroorzaakt door HEV-3 en komen autochtone HEV-4 infecties in veel mindere mate voor. De meest voorkomende subtypen van HEV-3 in de EU zijn HEV-3c, 3e, 3f en 3g. Infecties met andere subtypen van HEV-3 komen echter wel af en toe voor, maar deze zijn vaak reisgerelateerd (ECDC, 2017a; EFSA BIOHAZ Panel, 2017a).

HEV-4 komt in Europa amper voor bij varkens (Hakze-van der Honing et al., 2011; EFSA BIOHAZ Panel, 2017a) en ziektegevallen veroorzaakt door dit genotype worden in Nederland zelden gerapporteerd en alleen als import-geval (reisgerelateerd) (Hogema et al., 2021). Gezien de beperkte mate waarin HEV-4 bij de mens wordt aangetroffen in Europa en het bijzonder in Nederland, is voor deze risicobeoordeling alleen HEV-3 in beschouwing genomen.

Het is niet bekend in welke mate blootstelling (dosis) aan HEV leidt tot infectie. Het lijkt dat HEV, vooral voor wat betreft HEV-3, minder infectieus is dan andere virussen en dat blootstelling aan een wat hogere hoeveelheid virusdeeltjes pas tot een relevante kans op infectie leidt (Purcell & Emerson, 2008; US FDA, 2012; Giannini et al., 2018; Treagus et al., 2021).

Bij het grootste deel van de aan HEV-3 blootgestelde mensen verloopt een HEV-infectie zonder symptomen of heeft de ziekte een mild verloop. In zeldzame gevallen treden ernstige klachten op (acute fulminante hepatitis leidend tot acuut leverfalen). De infectie kan leiden tot chroniciteit bij orgaan- en beenmergtransplantatie-patiënten, het risico hierop wordt relatief laag ingeschat. Chronische hepatitis E kan fataal zijn. Bij transplantatiepatiënten kan infectie leiden tot afstoten van ontvangen organen (RIVM, 2016a; ECDC, 2017a; EFSA BIOHAZ Panel, 2017a). Een verhoogde kans op ernstiger beloop van een HEV-infectie hebben oudere mannen (>50 jaar), mensen met een leveraandoening, mensen die een transplantatie (orgaan/beenmerg) hebben ondergaan en onder andere mensen die een chemotherapie volgen of prednison slikken (RIVM, 2016a).

Wanneer een organisme (bijvoorbeeld mens, varken) verschillende typen HEV binnenkrijgt, is recombinatie mogelijk. Recombinatie komt voor bij HEV, zowel binnen als tussen genotypen, waarbij typen kunnen ontstaan die minder fit zijn en uitdoven, maar ook typen die een ernstiger

ziektebeeld kunnen geven (Chen et al., 2012). De kans op recombinatie van twee verschillende HEV-genotypen lijkt uiterst klein, zeker in de EU waar voornamelijk HEV-3 vóórkomt. Er zijn echter situaties die recombinatie binnen HEV-3 kunnen faciliteren, zoals het mengen van biggetjes van verschillende herkomst (recombinatie in het varken) of - minder waarschijnlijk - bij consumptie van vlees dat afkomstig is van meerdere dieren (bijvoorbeeld gehakt, worst) (recombinatie in de mens).

Alle virussen, dus ook HEV, hebben een levende gastheer nodig om te kunnen vermenigvuldigen (Tabel 13.16). HEV kan in bevroren toestand meer dan 10 jaar stabiel blijven (Yugo & Meng, 2013). HEV kan langere tijd overleven in de omgeving (Wang et al., 2019).

13.4.6.2 Blootstellingsschatting

Besmettingsroutes naar de mens

Besmetting van de mens met HEV-3 vindt waarschijnlijk plaats door het eten van besmet voedsel, zoals varkensvlees dat onvoldoende verhit is of via andere levensmiddelen die met HEV-3 (via mest) besmet zijn geraakt. De besmetting vindt in mindere mate plaats door bloedtransfusie, orgaantransplantatie en door het toedienen van besmette bloedproducten. Ook blijkt dat mensen die beroepsmatig met dieren in contact komen die een HEV-3-reservoir kunnen zijn (slachthuismedewerkers, bosbouwers, jagers, boeren en dierenartsen) en rioolwerkers een hogere seroprevalentie voor HEV hebben dan de algemene populatie. De transmissieroute is niet geheel duidelijk (RIVM, 2016a; EFSA BIOHAZ Panel, 2017a; Tulen et al., 2019).

Aantreffen in de keten

Hepatitis E-virus genotypen die relevant zijn voor de roodvlees- en grofwildketen in het algemeen zijn HEV-3 en HEV-4. In Nederland komt, zoals eerder aangegeven, zowel bij mens als dier voornamelijk HEV-3 voor (RIVM, 2016a; ECDC, 2017a). Varkens (landbouwhuisdier) zijn wereldwijd het belangrijkste reservoir van HEV-3, maar met behulp van serologisch onderzoek is aangetoond dat HEV (ook onder andere HEV-3 en HEV-4) vóórkomt bij wild zwijn, hertachtigen, elanden, geiten, schapen, runderen, paarden, vogels, katten, honden, ratten, konijnen, vleermuizen en mangoesten (Smith et al., 2014; EFSA BIOHAZ Panel, 2017a; Pas et al., 2017; Mrzljak et al., 2019). Bij dieren (varkens) worden weinig tot geen ziekteverschijnselen gerapporteerd als gevolg van HEV-infecties.

Hoewel HEV-3 het dominante genotype is in Europa, komt HEV-4 wel voor bij varkens en wilde zwijnen (Frankrijk, België, Nederland) en ook bij patiënten in Europa (onder andere Frankrijk, België, Italië) (Hakze-van der Honing et al., 2011; Bouamra et al., 2014; Micas et al., 2021; Li et al., 2022).

Na blootstelling (orale route) repliceert HEV zich waarschijnlijk in cellen van het darmkanaal en verplaatst zich vervolgens naar de lever. HEV is in de late incubatieperiode in de bloedbaan aanwezig (viremie), maar verdwijnt daar vervolgens weer uit. Vervolgens repliceert HEV opnieuw, maar nu in de hepatocyten (lever). Nieuw gevormde virusdeeltjes worden uitgescheiden via de gal in de feces (RIVM, 2016a). HEV kan – in elk geval bij varkens – langer aanwezig blijven in de lever (Bouwknegt et al., 2009) en tot 2 maanden na infectie nog via feces worden uitgescheiden (de Deus et al., 2008).

De mate waarin HEV vóórkomt (bloed, mest, lever) bij dieren in de keten hangt wat varkens betreft af van het managementsysteem op het bedrijf, de leeftijd waarop het dier voor het eerst wordt blootgesteld aan het virus – en in relatie daarmee de leeftijd waarop het dier wordt geslacht – en de mate waarin het virus kan rond blijven gaan. Biggen krijgen via biest/melk antistoffen van hun eigen zeug (als de moederzeug serologisch positief is voor HEV; maternale immuniteit). Na het spenen neemt deze bescherming af en een eerste infectie vindt meestal niet eerder dan na 8-12 weken plaats (EFSA BIOHAZ Panel, 2017a; Salines et al., 2017; Meester et al., 2021). Voor de voedselveiligheid vormen dieren die geïnfecteerd zijn en de infectie nog niet hebben geklaard op het moment van slachten het grootste gevaar (EFSA BIOHAZ Panel, 2017a).

Tabel 13.13 Hepatitis E-virus (HEV) in de roodvlees- en grofwildketen. Data NVWA/WFSR en WBVR; 2015-2019.

| Producttype | Product | Diersoort | Positief | Totaal | % Positief |
|--------------------|-----------------------------------|-----------------|----------|--------|------------|
| Slachtdier# | Caeca (2010-2014) | Varken | 142 | 624 | 23% |
| | Caeca (2015-2019) | Varken | 172 | 680 | 25% |
| Half-fabricaat | Bloedproducten (vloeibaar) | Varken | 33 | 36 | 92% |
| | | (poeder) Varken | 7 | 24 | 29% |
| Niet-kant-en-klaar | Vers vlees | Varken | 0 | 98 | 0% |
| | | Wild zwijn | 0 | 52 | 0% |
| | Gehakt vlees - verse worst | Varken | 0 | 103 | 0% |
| | Vers vlees – lever | Varken | 47 | 309 | 15% |
| | | Hert (wild) | 0 | 100 | 0% |
| Kant-en-klaar | Vleeswaar – leverworst | Varken | 70 | 99 | 71% |
| | Vleeswaar – paté | Varken | 62 | 90 | 69% |
| | Vleeswaar - geferm. / gedr. worst | | 46 | 316 | 15% |

Data WBVR

Tabel 13.14 Hepatitis E-virus (HEV) in gefermenteerde en/of gedroogde worst (verdere uitsplitsing van Tabel 13.13). Data NVWA/WFSR; 2017-2019.

| Product | # Positief | # Totaal | % Positief |
|----------------------|------------|------------|--------------|
| Snijworst | 7 | 43 | 16,0% |
| Salami | 17 | 92 | 19,0% |
| Metworst | 12 | 46 | 26,0% |
| Cervelaat | 8 | 74 | 11,0% |
| Droge worst, overig* | 2 | 61 | 3,0% |
| Totaal | 46 | 316 | 15,0% |

* Overig: Chorizo, fuet, diverse andere soorten (buitenlandse) worst

De data uit Tabel 13.13 en Tabel 13.14 zijn (deels) beschreven in publicaties van Boxman et al. (2017; 2019; 2020).

Varken

In een eerdere EFSA opinie over voedseloverdraagbare virussen (2011) kon het risico van HEV m.b.t varkensvlees niet worden gekarakteriseerd, met name door gebrek aan geschikte gegevens (onder andere incidentie bij de mens, de prevalentie in vlees van varkens, de dosis-respons relatie). Wel was duidelijk dat HEV bij varkens vóórkomt, dat er gelijkis is tussen HEV aangetroffen bij varkens en de mens en dat HEV via voedsel (onder andere vlees van varkens) overdraagbaar is (EFSA BIOHAZ Panel, 2011b). HEV werd op dat moment nog gezien als *emerging pathogen*. Ook in de EFSA opinies over de vleeskeuring uit 2011 en 2013 werd de transmissieroute van HEV via varkensvlees nog niet aangemerkt als relevante blootstellingsroute naar de mens. Dit was gebaseerd op de inschatting dat HEV weinig (<0,1%) zou vóórkomen op gekoelde karkassen en een lage “ziektelast” (incidentie <1 case/100.000 inwoners en mortaliteit <0,1%) heeft. Dit in combinatie met het ontbreken van inzicht in de besmettingsroute naar de mens en dus het belang van varkensvleesconsumptie hierin (EFSA BIOHAZ Panel, 2011b;2013b). Sindsdien werd in veel EU-landen een verhoging waargenomen in de mens en verscheen in 2017 een nieuwe opinie over HEV (EFSA BIOHAZ Panel, 2017a).

Het laatste decennium is er dan ook volop aandacht voor HEV en het vóórkomen van HEV in varkens en de relevantie daarvan in relatie tot voedselveiligheid. Ook in Nederland.

In de primaire fase werd in verschillende jaren (2005, 2013 en 2019-2020) met dezelfde bemonsteringsstrategie onderzoek gedaan naar het vóórkomen van HEV op varkensbedrijven in Nederland (Rutjes et al., 2007; Zomer et al., 2014; Opsteegh et al., nog te publiceren). Van de onderzochte Nederlandse varkensbedrijven (97, 184 respectievelijk 127 bedrijven) werd bij 53%, 52% respectievelijk 43% HEV RNA in de mest aangetoond (indicatie van actieve infectie). Deze verschillen zijn niet statistisch significant (Opsteegh et al., nog te publiceren). Ander onderzoek laat zien dat HEV waarschijnlijk op alle varkensbedrijven van Nederland vóórkomt (Rutjes et al., 2014; Meester et al., 2022).

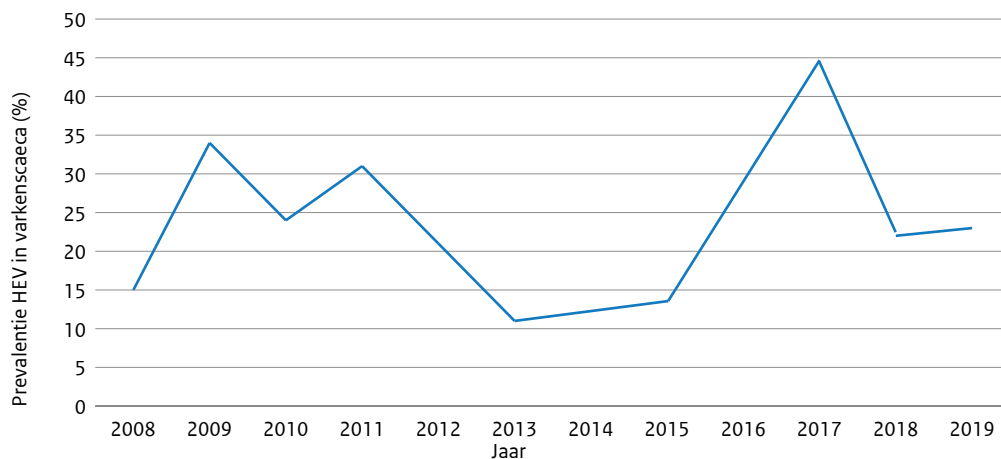
In 2005 behoorden alle HEV sequenties tot HEV-3 (3c (48%), 3f (30%), 3a (13%) en 3^e (9%)) (Rutjes et al., 2007). Van de studie uit 2013 zijn 34 virussequenties getypeerd, het merendeel was HEV-3c (91%), de overige virussequenties waren HEV-3f. Van de studie uit 2019-2020 behoorde 95% van de getypeerde virussequenties (55 onderzocht van 66 beschikbare virussequenties) tot subtype HEV-3c, de overige virussequenties behoorden tot subtype 3f (2 sequenties) en 3a (1 sequentie) (Opsteegh et al., nog te publiceren). Bij een studie onder slachtvarkens in 2019 werd alleen HEV-3c gevonden. Het betrof een studie waarin 250 varkens werden onderzocht, waarvan 95 varkens HEV-positief was. Van 41 dieren is de sequentie van het aangetroffen HEV gesequenced (Boxman et al., 2022).

Van de 27 bedrijven die zowel in 2013 als 2019-2020 onderzocht werden, waren er 14 die beide keren positief waren. Fylogenetische analyse (beschikbaar van virussequenties afkomstig van 8 van deze bedrijven) laat geen directe aanwijzing zien voor persistentie van stammen (Opsteegh et al., nog te publiceren). Dit in tegenstelling tot een studie uit Zweden, waarin elke boerderij besmet bleek met een unieke stam en deze stam persisteerde in de tijd, zij het met variatie binnen de stam (Wang et al., 2019). De tijd tussen de Zweedse metingen was echter beperkt (1-2 jaar) en waarschijnlijk zijn er nog andere factoren die hierin een rol spelen, bijvoorbeeld een mogelijk verschil van de manier waarop de dieren worden gehouden.

In andere Europese landen is ook onderzoek gedaan naar het vóórkomen van HEV op boerderijniveau en in aanvulling daarop zijn ook gegevens gepubliceerd over de mate waarin HEV bij de dieren vóórkomt (dierniveau) (EFSA BIOHAZ Panel, 2017a; Salines et al., 2017). De reviewstudie van Salines et al. (2017) (86 studies uit 43 landen) en het onderzoek van EFSA laten zien dat de prevalentiecijfers nogal uiteenlopend zijn. Echter, het verschil in onderzoeksmethoden maakt dat vergelijking van prevalenties tussen studies lastig is. Zo kan gekeken worden naar minimaal één serologisch positief dier, naar HEV RNA in serum, in feces of in de lever. Bovendien is bekend dat leeftijd en andere factoren effect hebben op de prevalentie (EFSA BIOHAZ Panel, 2017a). Bij vergelijking met andere onderzoeken dient bij de interpretatie van de resultaten aandacht te zijn voor dit soort beïnvloedende factoren. Duidelijk is wel dat een groot deel van de varkens in onder andere Engeland, Frankrijk, Spanje, Noorwegen en Zweden blootgesteld zijn geweest aan HEV. Op boerderijniveau variëren deze percentages van 30% tot 98% van de bedrijven (serologisch onderzoek). Op dierniveau zijn de verschillen in prevalenties tussen de bedrijven groot (13-73% van de dieren binnen een stal positief in Italië; 5-90% in Frankrijk). Dit reflecteert mogelijk een verschil in dynamiek als gevolg van bedrijfsspecifieke risicofactoren, of de leeftijd van de varkens op het moment van onderzoek. Zo is in een studie in Italië de slachtleeftijd met 10 maanden (Chelli et al., 2021) beduidend hoger dan in Nederland (ongeveer zes maanden).

Ook bij varkens aan de slachtlijn komt HEV voor (viremische dieren, dierniveau). Geschat wordt dat dit niet hoger dan 10% zal zijn (Grierson et al., 2015; EFSA BIOHAZ Panel, 2017a). In Nederland werd in 2006 onderzoek gedaan naar HEV bij varkens (afkomstig van verschillende bedrijven) aan de slachtlijn. Het ging om selectief onderzoek bij één slachthuis waar van 50 varkens, afkomstig van 10 bedrijven, feces werd onderzocht op HEV RNA. Bij 14% van deze dieren werd HEV aangetroffen, het ging hierbij om 3 (30%) bedrijven (Rutjes et al., 2009). Dit onderzoek was selectief in zijn opzet en geeft eigenlijk alleen maar aan dát HEV vóórkomt. Een betrouwbaarder beeld van de HEV-prevalentie in Nederland bij varkens aan de slachtlijn komt uit onderzoek van WBVR, op basis van door NVWA aselekt geselecteerde varkens in het kader van de wettelijk verplichte Europese AMR (antibioticumresistentie) surveillance (Richtlijn (EG) 2003/99). In de periode 2008-2019 varieerde deze tussen de 11% en 44% (150 monsters/jaar; detectie HEV RNA in caecum/rectum-inhoud, aselekte monsternamen), met een gemiddelde van 24% (Figuur 13.3, Tabel 13.13).

Figuur 13.3 Prevalentie van HEV in varkens in Nederland. Gemeten is HEV RNA in caecum-inhoud van varkens in het slachthuis (100-150 varkens per jaar). Data WBVR.



In onderzoek uit 2004 werd met behulp van serologie (HEV-IgG) geconstateerd dat op het slachthuis 68% van de varkens (130 onderzochte varkens afkomstig van 26 bedrijven (5 varkens per bedrijf)) in Nederland een HEV-infectie had doorgemaakt (Rutjes et al., 2010). In een aanvullend onderzoek (2004; uitgevoerd op het slachthuis; 5-20 dieren per bedrijf van herkomst) werd bij 100% van de onderzochte conventionele varkenshouderijen (24 boerderijen) één of meer varkens HEV-positief getest met serologie. Voor bedrijven met vrije uitloop (12 bedrijven) was dat ook 100% en van de biologische varkenshouderijen (42 bedrijven) betrof dat 98% van de bedrijven (Rutjes et al., 2014). De seroprevalentie op dierniveau werd geschat op 89% voor biologische varkenshouderijen, 72% voor conventionele varkenshouderijen en 76% voor bedrijven met vrije uitloop. Hoewel deze beide onderzoeken geen aselechte steekproef betroffen, kan wel geconstateerd worden dat HEV binnen de Nederlandse varkenshouderij wijdverbreid vóórkomt.

In een ander onderzoek uitgevoerd in Nederlandse slachthuizen werden sera van batches varkens van 208 varkenshouderijen onderzocht met serologie (IgM en IgG) en PCR (HEV RNA) (Meester et al., 2022). Per bedrijf werden zes samples per batch en ook ten minste vijf batches varkens onderzocht. Op alle onderzochte varkensbedrijven kwam HEV voor (100% bedrijven had tenminste 1 batch varkens serologisch positief). Echter niet alle batches varkens waren serologisch positief (74% was positief). Opvallend is dat van de biologische varkenshouderijen slechts 15% van de bedrijven één batch HEV RNA-positieve sera-dieren had (viremische dieren tijdens de slacht), wat betekent dat het merendeel van de batches dieren de infectie al geklaard had op slachtleeftijd. Bij de andere typen bedrijven (conventioneel, twee soorten met verhoogde biosecurity) hadden de meeste bedrijven (95-100%) tenminste één batch met een viremisch dier, wat duidt op een infectie van de dieren op latere leeftijd. Anderzijds had 32% van alle bedrijven batches varkens die nooit waren blootgesteld aan HEV (binnen de sensitiviteit van de proefopzet), waarbij dit lag tussen de 29-70% afhankelijk van het houderijsysteem (conventioneel, biologisch, twee soorten met verhoogde biosecurity). Deze studie laat wederom zien dat HEV wijdverspreid vóórkomt bij varkenshouderijen in Nederland, maar dat de verspreidingsdynamiek tussen en op bedrijven verschilt. Wat de risicofactoren en mogelijke beheersmaatregelen op de boerderij zijn met betrekking tot het voorkómen van HEV-verspreiding (ook naar de mens) is op dit moment nog niet duidelijk (Topsector Agri&Food, 2019).

In 2019 werd met een aselechte steekproef aan de slachtlijn van acht Nederlandse slachthuizen een seroprevalentie (IgG) van 68% (250 onderzochte varkens) waargenomen (Boxman et al., 2022). Naast seroprevalentie, werd in dezelfde varkens onderzoek gedaan naar HEV RNA in serum (viremie), caecuminhoud en levermonsters. Uit gecombineerde data bleek dat 78% van de geteste slachtvarkens blootgesteld was geweest aan HEV, waarbij 41% een recente infectie had (HEV RNA nog aantoonbaar) en dat 37% de infectie reeds geklaard had (alleen serologisch IgG positief). HEV RNA was aantoonbaar in bloed (16%), lever (11%) en in caecuminhoud (26%) van varkens. Hoewel de caecamonsters het vaakst positief waren en varkens met de hoogste waarden in serum de hoogste RNA waarden in de lever

hadden, is nog onduidelijk wat de voorspellende waarde is van aanwezigheid van HEV in het caecum i.r.t. de blootstelling van de mens via varkensvlees en producten daarvan gemaakt (vers vlees, leverworst et cetera).

De HEV-prevalentie (HEV RNA aantoonbaar) in Nederlandse varkens aan de slachtlijn is relatief hoog vergeleken met andere Europese landen. Hoewel dit mogelijk gerelateerd kan zijn aan de jongere slachtleefijd van varkens in Nederland in vergelijking tot andere landen, speelt dit ook ten opzichte van dieren met dezelfde leeftijd (Boxman et al., 2022). Echter, verschil in onderzoeksmethodiek maakt dat internationale resultaten moeilijk vergelijkbaar zijn.

Door hygiënisch te werken tijdens de slacht kan worden voorkómen dat pathogene micro-organismen – zoals in dit geval HEV - die aanwezig zijn in het caecum en in de mest op het karkas (vlees) terecht komen. Het slachtproces heeft geen effect op de aanwezigheid van HEV in bloed of lever. Wel kan kruisbesmetting tussen levers (oppervlakbesmetting) plaatsvinden wanneer de levers in bakken worden verzameld op het slachthuis (Dzierzon et al., 2022). Ook kan door één viremisch varken een grote batch bloed besmet raken met HEV. Onderzoek van de NVWA laat zien dat HEV RNA frequent wordt aangetroffen in vloeibare (niet verhitte) bloedproducten (92%; circa 40 monster) en poedervormige bloedproducten (29%; circa 25 monsters) (Tabel 13.13) (Boxman et al., 2017). Deze bloedproducten (vol bloed, plasma, hemoglobine en (gestabiliseerd) fibrinogeen in vloeibare en poedervorm) worden gebruikt als ingrediënt voor producten gemaakt van varkensvlees, zoals varkenshaas, gehakt, rollade, schnitzel, leverworst/paté et cetera. Inventarisatie van door de industrie toegepaste tijd-temperatuurcombinaties laat zien dat deze processen mogelijk niet altijd zullen volstaan om HEV volledig te inactiveren (Boxman et al., 2017). Naar aanleiding van deze studie zijn afnemers van deze producten door de producent geadviseerd om aan kant-en-klare levensmiddelen alleen producten in poedervorm toe te voegen (persoonlijke communicatie NVWA-HH).

De NVWA onderzocht in de periode 2015-2019 verschillende soorten levensmiddelen gemaakt van varkensvlees Tabel 13.13, Tabel 13.14) (Boxman et al., 2019; Boxman et al., 2020). In vers vlees (circa 100 monsters) en verse worst (circa 100 monsters) werd geen HEV aangetoond. Van de onderzochte levers (circa 300 monsters) was 15% positief voor HEV, van de leverworst en leverpaté (beide circa 100 monsters) 71% respectievelijk 69%. Ook in gedroogde en/of gefermenteerde worst bleek HEV RNA aanwezig (15%; circa 320 monsters). Hierbij zijn, zoals opgemerkt door Boxman et al. (2020), cervelaat, salami, metworst en snijworst significant vaker besmet (17%) dan droge worsten en worsten met een buitenlandse naam (onder andere chorizo, fuet; 3%) (Tabel 13.14). Hoewel door de NVWA geen HEV werd aangetroffen in vers varkensvlees en verse worst (spierweefsel), blijkt uit ander onderzoek dat dit wel mogelijk is, waarbij de hoeveelheid virusdeeltjes wel lager is dan in producten met lever (EFSA BIOHAZ Panel, 2017a).

In de EU werd in de periode 2015-2019 geen onderzoek over het vóórkomen van HEV in levensmiddelen aan EFSA gerapporteerd (EFSA & ECDC, 2016;2017;2018a;2019;2021b). In de periode 2015-2019 werden geen meldingen over het aantreffen van HEV in vlees en vleesproducten van varkens genotificeerd in RASFF (Tabel 13.28).

De in de levensmiddelen aangetroffen hepatitis E-virus RNA strains vertoonden grote gelijkenis (tot 99,5%) met die aangetroffen bij patiënten (Boxman et al., 2019; Boxman et al., 2020). Ook uit vergelijking van HEV RNA strains geëxtraheerd uit donorbloed met HEV afkomstig van Nederlandse varkens blijkt dat de stammen die bij de mens vóórkomen grote overeenkomst vertonen met stammen afkomstig van Nederlandse varkens, waarbij het vooral gaat om genotype 3c (Hogema et al., 2021). Identieke stammen worden in Nederland vrijwel niet gevonden.

Naar aanleiding van de bevindingen van de NVWA/WFSR over het aantreffen van HEV in verse lever, varkensbloedproducten en gedroogde en/of gefermenteerde worst en de uitkomsten van de epidemiologische studies naar risicofactoren voor HEV (Mooij et al., 2018; Tulen et al., 2019) is door de varkensvlees-sector een risicoanalyse uitgevoerd (VNV, 2017). Hieruit bleek dat gedroogde en/of gefermenteerde worst – een product waar geen lever aan wordt toegevoegd – toch met lever besmet kan raken door gebruik

van middenrif waaraan nog leverstukjes kunnen zitten. Deze stukjes lever kunnen incidenteel heel hoog besmet zijn (ongepubliceerde data WFSR). Gedroogde en/of gefermenteerde worst is een rauw te consumeren vleesproduct, dat geen verhitting gaat. Hierdoor is HEV mogelijk nog infectieus. Rauwe lever wordt niet (altijd) door en door verhit, zodat ook dit product op basis van gangbare bereidingsprocessen (bij de consument) als een risicovol product werd gekwalificeerd. Aan vers vlees werd geen risico verbonden, uitgaande van het feit dat hier weinig residueel bloed in aanwezig is. Echter, nabesmetting door fecale bezoedeling van het karkas tijdens het slachtproces werd hierin niet meegenomen. Aan leverworst/paté werd slechts 1% van het risico geattribueerd, ervan uitgaande dat deze producten een adequate hittebehandeling ondergaan tijdens het productieproces.

Het aantonen van HEV RNA is nog geen bewijs dat het aangetoonde virus ook een infectie kan veroorzaken. HEV overleeft verhitting niet, zodat voor zowel vlees, bloed als lever geldt dat levensmiddelen waarin deze producten zijn verwerkt en die niet (goed) zijn verhit, dit tot blootstelling van de mens aan HEV kan leiden. Verse lever wordt voorafgaand aan consumptie door de eindverbruiker (onder andere consument) verhit, maar meestal is dat niet door-en-door. De mate van inactivatie van HEV hangt dus af van de bereidingswijze. Recent onderzoek laat zien dat de infectiviteit van HEV geïnoculeerd in gedroogde en/of gefermenteerde worst afneemt in de tijd en dat de mate waarin dit gebeurt afhankelijk is van de bewaar temperatuur (Stunnenberg et al., 2023). Bij een bewaar temperatuur van 4°C varieert de geschatte bandbreedte (95% betrouwbaarheidsinterval) van de afname tussen de 0-1,3 log eenheden HEV gedurende een bewaartijd van 1-4 weken. Bij 10°C is dat tussen de 0,2-1,6 log eenheden HEV en bij 21°C tussen de 1->3 log eenheden HEV.

Het bereidingsproces van gedroogde gefermenteerde worst bestaat over het algemeen uit een fermentatie van ongeveer 24-36 uur, waarna de worsten worden gedroogd. Voor dunne worsten (kleingoed) duurt dit hele proces ongeveer 7-10 dagen, voor dikkere worsten (grootgoed) circa 3 weken. De fermentatie wordt bij 25°C uitgevoerd, het drogen bij 12-14°C. Het kleingoed wordt vaak buiten de koeling verkocht. Het grootgoed wordt als gesneden vleeswaar verkocht en wordt bij koelkasttemperatuur bewaard. Deze worsten hebben hogere Aw (zijn minder ingedroogd, bevatten meer beschikbaar water) dan de dunneren worsten (persoonlijke communicatie NVWA-HH). Een smeerbaar product als metworst kan echter al na één week rijpen en drogen gereed zijn.

Het productieproces van gedroogde gefermenteerde worst duurt dus 1-3 weken en wordt bij circa 10°C uitgevoerd. Gedurende dat proces zal de infectiviteit van eventueel aanwezige hepatitis E-virus deeltjes vermoedelijk afnemen. Bekend is dat de hoeveelheid virus in gedroogde gefermenteerde worst (zoals in Nederland wordt verkocht) circa 3 log genoom kopieën HEV/5 g bedraagt (Boxman et al., 2020). De afname gedurende het bereidingsproces zou mogelijk tussen de 0-2 log eenheden HEV kunnen zijn. Daarmee zou een deel van de aanwezige hepatitis E-virussen nog infectieus zijn op het moment dat de worsten in de handel worden gebracht. Gedurende de bewaartijd zal in het kleingoed de infectiviteit van HEV verder afnemen, voor het grootgoed (vleeswaar, inclusief smeerbare metworst) is dat minder het geval. Dit zijn grove schattingen. De onzekerheid zit ook in de methode die is gebruikt om de inactivatie van HEV in dit product te bepalen (Stunnenberg et al., 2023). Hierbij zijn worsten geïnoculeerd die al zijn gefermenteerd en gedroogd en die zijn vervolgens bewaard. Daarnaast zit HEV normaliter in de cellen, wat met inoculeren van een product niet is na te bootsen. Onduidelijk is daarom wat er tijdens het bereidingsproces zelf met de infectiviteit van HEV gebeurt.

Anderzijds is wel duidelijk dat gedroogde worst uit Corsica en Zwitserland waarin varkenslever wordt verwerkt (*figatellu* respectievelijk *mortadella di fegato crudo*) ziektegevallen met HEV-infectie heeft veroorzaakt (EFSA BIOHAZ Panel, 2017a; Ripellino et al., 2021). Dit zijn echter wel producten waaraan lever wordt toegevoegd (mogelijk hogere begin-besmetting), dit in tegenstelling tot de worsten waar het in Nederland om ging. In die worst is lever een onbedoeld ingrediënt.

De methode om de infectiviteit van HEV aan te tonen is niet geschikt voor routinematig gebruik voor levensmiddelen (Stunnenberg et al., 2023), zodat ze niet direct kan worden gebruikt voor het beoordelen of HEV RNA aangetroffen in dit soort producten een gevaar is voor de volksgezondheid. Nader onderzoek naar het effect van het bereidingsproces van gedroogde en/of gefermenteerde worst op de inactivatie

van HEV zou een goede aanvulling kunnen zijn. Echter, lever hoort niet thuis in dit product en HEV zou dus niet (in elk geval niet in hoge hoeveelheden) in een dergelijk product aanwezig horen te zijn.

Leverworst en leverpaté worden tijdens het productieproces verhit. Hierbij worden tijd-temperatuurcombinaties gebruikt van langer dan 2 uur bij een temperatuur vanaf 70°C en hoger. Verhitten van met HEV besmette gemalen lever laat zien dat HEV met meer dan 3 log kve/g wordt geïnactiveerd bij een verhitting van 10 minuten bij 71°C (Stunnenberg et al., 2023). Rauwe lever kan 6 log genoomkopieën HEV/g bevatten, leverworst en paté gemiddeld 4,8 log genoomkopieën HEV/g (Boxman et al., 2019). Het productieproces lijkt daarbij een adequate verhitting te kunnen zijn mits de kerntemperatuur van het product lang genoeg bij 70°C wordt gehouden. Dit geldt zeker ook voor de bereiding van verse varkenslever door de eindverbruiker.

Rund, kleine herkauwers, paarden

EFSA stelt in haar opinie uit 2017 dat er geen bewijs is dat HEV-infecties vóórkomen bij runderen, schapen en geiten in de Europa, maar dat in andere landen wel is vastgesteld dat deze dieren serologisch positief kunnen zijn (EFSA BIOHAZ Panel, 2017a). Er zijn sindsdien een aantal publicaties verschenen waarin HEV is aangetoond in landbouwhuisdieren niet zijnde varken.

Studies over het vóórkomen van HEV bij runderen zijn schaars en komen vooral uit China en daarnaast uit andere landen buiten de EU. Hierbij kan het gaan om zowel HEV-3 als HEV-4. Verschillende studies van buiten de EU laten zien dat runderen serologisch positief kunnen zijn voor HEV met prevalenties tot circa 50% (Yan et al., 2016; Tonbak & Atasever, 2022), indien (ook) naar HEV RNA wordt gekeken wordt dit in beperkte mate aangetroffen (0,5-5%) (Yan et al., 2016; Go et al., 2019; Bastos et al., 2022; Tonbak & Atasever, 2022). HEV werd ook in koemelk aangetroffen (Demirci et al., 2019; Sayed et al., 2020), maar in een andere studie niet (Geng et al., 2019). In twee studies uit de EU (België, Duitsland) werd geen HEV aangetroffen in koemelk (België, circa 500 bulk-tank monsters; Duitsland, 400 bulk-tank monsters). Ook werden geen antistoffen in de melk aangetroffen (België, circa 250 bulk-tank monster) (Baechlein & Becher, 2017; Vercouter et al., 2018).

Meerdere studies uitgevoerd in Italië laten zien dat HEV vóórkomt bij kleine herkauwers. In onderzoek van Palombieri et al. (2020) waren schapen (22%) en geiten (11%) en alpensteenbokken (6%) serologisch positief. In een studie van Mesquita et al. (2020) bleek 16% van de geiten serologisch positief. Sarchese et al. (2019) toonde antilichamen in het bloed aan bij 22% van de onderzochte schapen en HEV RNA in bloed (2%) en feces (10%). In Spanje was de seroprevalentie bij schapen 2% en bij geiten 14%; op bedrijfsniveau bleek daarmee 60% van de onderzochte bedrijven (32 bedrijven) HEV-positief (Caballero-Gómez et al., 2022). In Tsjechië werd HEV aangetoond in geiten- en schapenmelk (3%). HEV kwam voor in melk van 2% van de onderzochte melkgeitenbedrijven (128 bedrijven) en 25% van de onderzocht melkschaapbedrijven (12 bedrijven) (Dziedzinska et al., 2020).

Bij paarden in Nederland werd bij 18% van de onderzochte paarden (22 dieren) HEV-antistoffen in het bloed aangetroffen (Li et al., 2020). In Spanje is HEV aangetroffen bij paarden (0,4%), ezels (1%) en muilieren (4%). Het gaat hierbij om stammen die nauw verwant zijn aan die bij mens en varken vóórkomen. Gezien de lage prevalentie, zijn paarden waarschijnlijk zelf geen reservoir, maar is er sprake van *spill-over* (García-Bocanegra et al., 2019). In Kroatië trof men geen HEV-antistoffen aan in het bloed van paarden (264 dieren) (Rogić et al., 2021).

In de EU werd in de periode 2015-2019 geen onderzoek over het vóórkomen van HEV in levensmiddelen aan EFSA gerapporteerd (EFSA & ECDC, 2016;2017;2018a;2019;2021b). In deze periode werden in RASFF ook geen meldingen over het aantreffen van HEV in vlees en vleesproducten van runderen, kleine herkauwers en paarden genotificeerd (Tabel 13.28).

Wild zwijn

EFSA heeft in haar opinie over de vleeskeuring van karkassen van gehouden wild HEV geïnventariseerd als mogelijk relevant gevaar voor vlees van wilde zwijn. EFSA kon echter niet tot een beoordeling komen wat betreft de prioritering van HEV voor de keuring van karkassen van wilde zwijnen door onvoldoende

beschikbaarheid van gegevens (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e). Sindsdien zijn er een aantal studies uitgevoerd naar het vóórkomen van HEV bij wilde zwijnen in de EU.

Wilde zwijnen zijn een van oudsher bekend reservoir van HEV en HEV komt bij vrijwel alle populaties van wilde zwijnen in Europa voor (Rutjes et al., 2010; Prpić et al., 2015). Gerapporteerde seroprevalenties in wilde zwijnen (meestal vrij wild) verschillen tussen landen in Europa (12 lidstaten), variërend van 5% tot 57% (verschillende serologische methoden) (EFSA BIOHAZ Panel, 2017a; Fredriksson-Ahomaa, 2019). De prevalentie van HEV RNA is over het algemeen logischerwijs lager, aangezien RNA korter aanwezig is in het bloed dan antistoffen. Dit varieert tussen 0,3 en 34%, met uitschieters van 70-100% voor twee studies in Duitsland (EFSA BIOHAZ Panel, 2017a).

De HEV-stammen die bij wilde zwijnen worden aangetroffen vertonen grote overeenkomst met die bij varkens en mensen vóórkomen (Borgen et al., 2008; Rutjes et al., 2010; Fredriksson-Ahomaa, 2019).

Ook in Nederland is onderzoek gedaan naar het vóórkomen van HEV bij wilde zwijnen. In 2005 werd in 4% van fecesmonsters van wilde zwijnen (Veluwe; circa 25 dieren) HEV RNA aangetroffen (Rutjes et al., 2009). In 2005-2008 was 12% van de onderzochte wilde zwijnen (circa 1.000 dieren; vrij wild, Veluwe en Zuid-Limburg) serologisch positief. Bij een deel van de zwijnen (circa 100 dieren) werd naast bloed, ook mest, lever en diafragma bemonsterd en op HEV RNA onderzocht. Bij 8% werd HEV RNA aangetroffen (bloed 5%, feces 2%, lever 2%, diafragma (spierweefsel) 0%) (Rutjes et al., 2010). In 2016 werd een seroprevalentie van 20% waargenomen (Hogema et al., 2021).

In de periode 2015-2019 onderzocht de NVWA vlees van wild zwijn uit de retail, hierin werd geen HEV RNA aangetroffen (circa 50 monsters) (Tabel 13.13).

In de EU werd in de periode 2015-2019 geen onderzoek over het vóórkomen van HEV in levensmiddelen aan EFSA gerapporteerd (EFSA & ECDC, 2016;2017;2018a;2019;2021b). In de periode 2015-2019 werden geen meldingen over het aantreffen van HEV in vlees en vleesproducten van wild zwijn genotificeerd in RASFF (Tabel 13.29).

Hertachtigen

EFSA heeft in haar opinie over de vleeskeuring van karkassen van gehouden wild HEV geïnventariseerd als mogelijk relevant gevaar voor vlees van hertachtigen. Ondanks het gebrek aan gegevens was de conclusie van EFSA dat hertachtigen geen belangrijke rol lijken te spelen in de blootstelling van de mens aan HEV (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e).

HEV komt wel voor bij hertachtigen. Studies uit de EU (7 lidstaten) geven aan dat de seroprevalentie bij hertachtigen varieert tussen 0%-13%. HEV RNA kon worden aangetoond bij 0%-16% van de onderzochte matrices (lever, feces, milt, diafragma). Uitzondering hierop is een studie uit Duitsland waar 100% van de onderzochte herten (n=24) positief bleek (EFSA BIOHAZ Panel, 2017a).

In Nederland zijn verschillende onderzoeken uitgevoerd naar het vóórkomen van HEV bij onder andere hertachtigen (edelhert, ree). In 2006-2008 werden edelherten (circa 40 dieren) en reeën (circa 10 dieren) (beiden vrij wild) onderzocht (Rutjes et al., 2010). Serologisch bleek 5% van de edelherten positief en geen van de reeën. HEV RNA werd echter bij 15% van de edelherten aangetroffen (bloed 5%, feces 3%, lever 3%, diafragma (spierweefsel) 5%).

In 2019 deed de NVWA onderzoek naar herten uit de Oostvaardersplassen (circa 150 dieren). Bij geen van deze dieren werd HEV RNA aangetroffen (lever) (Tabel 13.13).

Het lijkt er op dat herten besmet raken door wilde zwijnen ('spillover' via de omgeving) en dat herten geen natuurlijk reservoir zijn van dit genotype (EFSA BIOHAZ Panel, 2017a; Mrzljak et al., 2019). Dit wordt bevestigd door het onderzoek van de NVWA naar het vóórkomen van HEV bij herten in de Oostvaardersplassen (0% positief), in dit gebied komen namelijk geen wilde zwijnen voor.

In de EU werd in de periode 2015-2019 geen onderzoek over het vóórkomen van HEV in levensmiddelen aan EFSA gerapporteerd (EFSA & ECDC, 2016;2017;2018a;2019;2021b). In de periode 2015-2019 werden geen meldingen over het aantreffen van HEV in vlees en vleesproducten van hertachtigen genotificeerd in RASFF (Tabel 13.29).

Overige diersoorten

EFSA heeft in haar opinie over het risico voor de volksgezondheid van HEV als voedselpathogeen worden verschillende diersoorten genoemd (zie “aantreffen in de keten”) waarbij HEV kan vóórkomen. Dit betreffen geen diersoorten die (veel) gegeten worden (in Nederland) (EFSA BIOHAZ Panel, 2017a).

In de periode 2015-2019 onderzocht de NVWA geen vers vlees van exotische dieren op HEV (Tabel 13.13). Ook in de EU werd in de periode 2015-2019 geen onderzoek over het vóórkomen van HEV in levensmiddelen aan EFSA gerapporteerd (EFSA & ECDC, 2016;2017;2018a;2019;2021b). Tevens werd in de periode 2015-2019 geen melding over het aantreffen van HEV op vlees en vleesproducten van overige (exotische) dieren genotificeerd in RASFF (Tabel 13.29).

Ziektegevallen en ziektelast

Ziektegevallen en uitbraken

HEV-infecties zijn in Nederland niet meldingsplichtig, behalve als het een uitbraak betreft met voedsel als vermoedelijke bron (Tabel 13.37). Wel vindt sinds 2016 laboratoriumsveillance plaats door het RIVM. In 2015-2016 werden 303-307 patiënten waargenomen, waarna dit afnam tot 210, 213 en 192 in respectievelijk 2017, 2018 en 2019 (Lagerweij et al., 2021). Er wordt op basis van deze gegevens geschat dat het aantal HEV-infecties de laatste jaren daalt.

Ook zijn gegevens beschikbaar over seroprevalentie bij bloeddonoren (grotendeels asymptomatische infecties). De metingen in bloeddonoren geven, zeker wanneer stammen getypeerd worden, een goed beeld van endemische blootstelling aan HEV (reishistorie van bloeddonoren is bekend). In 2011/2012 werd in 0,04% van de bloeddonaties (circa 45.500 donaties) HEV RNA aangetroffen (Slot et al., 2013), duidend op een recente infectie. In 2013/2014 was dat 0,08% (circa 59.500 bloeddonaties) (Hogema et al., 2014). In de periode 2009-2011 trad per jaar bij ongeveer 1% van de bloeddonoren seroconversie op, met andere woorden zij liepen een HEV-infectie op (Slot et al., 2013).

De seroprevalentie van HEV (IgG) bij bloeddonoren laat een dalende trend door de tijd zien. De voor leeftijd gecorrigeerde HEV-seroprevalentie was 47% in 1988, 28% in 2000 en 21% in 2011. Echter, in de leeftijdscategorie 18-21 jarigen nam de seroprevalentie tussen 2000 en 2011 juist toe van 4% naar 13% (Hogema et al., 2014). De niet-voor leeftijd gecorrigeerde seroprevalentie in 2011 bedroeg 27% (Slot et al., 2013) en in 2016 was dit 31% (Mooij et al., 2018).

Onduidelijk is wat de oorzaak was van de waargenomen stijging laboratorium-bevestigde HEV-ziektegevallen tot 2015-2016 en ook wat betreft de daling die sindsdien plaatsvindt (Mooij et al., 2018; Tulen et al., 2019). Wel zijn een aantal maatregelen in gang gezet die de blootstelling aan HEV zouden moeten verlagen. Vanuit de industrie is in 2017 actie ingezet ter voorkóming van insleping van lever in de gedroogde en/of gefermenteerde worst (VNV, 2017), door het Voedingscentrum is in 2018 actie gezet op voorlichting aan de risicogroep (Voedingscentrum, 2018) en sinds juli 2017 worden bloeddonoren gescreend op viremie (Pas et al., 2017). Tot de risicogroep voor HEV behoren orgaan- en beenmerg-transplantatie-patiënten en patiënten met onderliggende leveraandoening (RIVM, 2016a; ECDC, 2017a; EFSA BIOHAZ Panel, 2017a).

In de Europese zoönose rapportage van 2019 worden geen uitbraken door HEV gemeld. Wel waren er drie HEV-uitbraken met in totaal 6 zieken en 1 ziekenhuisopname, die vermoedelijk door voedsel veroorzaakt zijn, maar waarbij de bron niet kon worden bevestigd (EFSA & ECDC, 2021b). In de periode 2005-2015 werden in de EU meer dan 21.000 ziektegevallen in 22 landen gerapporteerd. In de meeste gevallen (namelijk 98% waarvoor reishistorie bekend) waren deze infecties lokaal opgelopen en ging het om sporadische gevallen, dus niet gerelateerd aan een uitbraak. In totaal werden in die periode 37 uitbraken

met 185 ziektegevallen gerapporteerd. Dit is waarschijnlijk een onderschatting, vanwege de manier waarop de surveillance in veel landen is ingeregeld. Hoewel in deze Europese HEV surveillance rapportage het genotype niet werd uitgevraagd, is de aanname dat de endemisch opgelopen infecties voornamelijk door genotype 3 worden veroorzaakt. Wat betreft voedsel dat betrokken was bij deze uitbraken, ging het vaak om het eten van rauwe of niet gare varkenslever en ander varkensvlees (“pies”, zelfgemaakte worst, rauw/niet gaar varkensvlees, varkensvleesproducten en orgaanvlees) (ECDC, 2017b; EFSA BIOHAZ Panel, 2017a). Ook zijn enkele uitbraken beschreven waarbij vlees van wild zwijn en herten de oorzaak was (Tei et al., 2003; Li et al., 2005; EFSA BIOHAZ Panel, 2017a; Fredriksson-Ahomaa, 2019). Wat betreft hert ging het om cases in Japan en Zuid-Korea met HEV-4 (EFSA BIOHAZ Panel, 2017a).

Ziekteelastschattingen en bronattributie

Op basis van de in de vorige paragraaf genoemde laboratoriumsurveillance werd geschat dat in 2019 1.200 mensen een HEV-infectie opliepen (waarvan er 13 overleden). De gemiddelde ziekteelast van een systemische infectie werd in 2019 geschat op (afgerond) 0,4 DALY per ziektegeval (Lagerweij et al., 2020) (Tabel 13.17). De geschatte ziekteelast op basis van deze incidentie is 460 DALY en de kosten voor de samenleving € 5 miljoen (4% discontering) voor dat jaar (Lagerweij et al., 2020).

Om te schatten welk aandeel van de ziektegevallen – en dus van de ziekteelast - aan de verschillende blootstellingsroutes kan worden toegeschreven, wordt bronattributie gebruikt. Bronattributie op basis van expert-elicitering schat dat 14% (63 DALY) van de ziekteelast die door HEV wordt veroorzaakt aan voedsel kan worden toegeschreven. Reizen (43%) en het milieu (24%) worden door deze experts als belangrijkste bron aangewezen. Binnen de 63 DALY aan voedsel geattribueerde ziekteelast van HEV is het aandeel van roodvlees afgerond 73% (46 DALY, 120 zieken) (Tabel 13.36). Specifiek aan roodvlees wordt 10% van de totale 460 DALY ziekteelast van HEV geattribueerd (Figuur 13.5). Van de totale aan roodvlees geattribueerde ziekteelast (1.600 DALY) wordt 3% aan HEV toegeschreven (Figuur 13.6) en voor de ziektegevallen is het aandeel dat aan HEV wordt toegeschreven afgerond 0% (120 zieken/158.000 zieken) (Lagerweij et al. (2020) aangepast op basis van Benincà et al. (2021)). Binnen roodvlees vormen varkens de enige bron van een HEV-infectie. Grofwild (of andere hierboven besproken diersoorten) vormen geen onderdeel binnen de uitgevoerde attributieschattingen.

Sequencing en typering kan meer informatie geven over de bronnen waaraan ziekte is toe te schrijven. Hoewel dit nog niet in alle Europese landen een standaard onderdeel is van de surveillance systemen, worden daar waar beschikbaar wel sequenties internationaal gedeeld. Hiertoe is het internationale laboratoriumnetwerk HEVNet opgezet (<https://www.rivm.nl/en/hevnet>) (Mulder et al., 2019). In Nederland gebeurt dit op basis van ‘sentinel’ surveillance en vindt bronopsporing niet standaard plaats. Op dit moment zijn clusters van identieke sequenties, duidend op een gemeenschappelijke bron van infectie, nog schaars. Wel geeft het internationaal delen van sequenties al een beeld van de geografische verspreiding van genotypen van HEV waardoor mogelijk beter duiding te geven is aan de oorsprong van de bron. Om roodvlees (varkensvlees) als bron van ziekte in Nederland te kunnen identificeren is het blijvend van belang dat sequenties afkomstig uit varkens vergeleken worden met sequenties afkomstig van de mens.

In het ziekteelastschattingenmodel van het RIVM krijgt voedsel niet een prominente rol voor blootstelling toegewezen, dit lijkt op basis van andere databronnen onterecht. Verschillende studies zien dat consumptie van (varkens)vlees of wild zwijn (inclusief orgaanvlees en leverworst) samenhangt met het doorgemaakt hebben van een HEV-infectie (EFSA BIOHAZ Panel, 2017a; Slot et al., 2017; Mooij et al., 2018). In aanvulling daarop laat onderzoek uit Nederland zien dat vegetariërs significant minder vaak seropositief zijn voor HEV. Het ging hierbij om mensen die vanaf een leeftijd van 12 jaar vegetariër zijn en dus mogelijk voor die tijd wel (varkens)vlees hebben gegeten (Slot et al., 2017; Alberts et al., 2018). Dat mensen met een vegetarisch dieet minder vaak seropositief zijn voor HEV wordt ook aangetoond door onderzoek uitgevoerd in andere landen (EFSA BIOHAZ Panel, 2017a). Voedsel wordt door EFSA als meest waarschijnlijk blootstellingsroute beschouwd voor de Europese populatie. Maar contact met geïnfecteerde dieren (varken, wild zwijn) is ook een risico met betrekking tot het oplopen van een infectie, wat vooral relevant is voor mensen die beroepsmatig met varkens en wild (zwijn, hert) in contact komen (EFSA BIOHAZ Panel, 2017a). Ook in Nederland wordt direct diercontact (varkens), maar ook het werken met

septicetanks als risicofactor gezien voor acute HEV-infectie (Tulen et al., 2019). Contact met “vuilwater” (septicetank, riool, vuilwater uit de stal) is ook risicofactor voor IgG-seropositiviteit (Mooij et al., 2018). Ander onderzoek laat zien dat omwonenden van varkensbedrijven in Nederland (i.e. bedrijven met een goede biosecurity en goed mestmanagement) geen verhoogd risico hebben wat betreft het oplopen van een HEV-infectie (EFSA BIOHAZ Panel, 2017a; van Gageldonk-Lafeber et al., 2017).

Er zijn verschillende onderzoeken uitgevoerd naar risicofactoren voor het oplopen van een HEV-infectie in Nederland. Consumptie van gedroogde en/of gefermenteerde worst werd op basis van epidemiologisch onderzoek geassocieerd met acute HEV-infectie (Tulen et al., 2019) en IgG-seropositiviteit (Mooij et al., 2018). Uit dat laatste onderzoek bleek ook dat het risico om een HEV-infectie op te lopen significant toeneemt als men “vaak” dit soort producten ten opzichte van “minder vaak”. Een iets minder sterke associatie met acute HEV-infectie werd gezien voor leverworst/paté, schouderham en katenspek. Deze laatste twee producten zijn echter gekookt en de consumptie van deze producten correleerde met die van gedroogde en/of gefermenteerde worst, zodat het de vraag is of deze producten zelf inderdaad een risicofactor zijn (Tulen et al., 2019). Deze en andere producten (onder andere theeworst en Brabantse metworst (smeerbaar rauw varkensvleesproduct)) werden in de studie van Mooij et al. (2018) in de univariate analyse ook geassocieerd met IgG-seropositiviteit, maar niet meer in de multivariate analyse. Voor gedroogde en/of gefermenteerde worst werd door Tulen et al. (2019) geschat dat 48% van de acute HEV-infecties zou kunnen worden voorkómen als dit product niet meer werd gegeten, voor smeerbare leverproducten zou dat 18% zijn. Ook in een Duits onderzoek werd consumptie van leverworst als risicofactor gezien, net als consumptie van frankfurters/wiener worsten. Dit betreft allemaal producten die door de producent gegaard zijn. De consumptie van gedroogde en/of gefermenteerde worst werd in Duitsland niet als een risico gezien (Faber et al., 2018; Tulen et al., 2019; Boxman et al., 2020).

De door VNV (2017) uitgevoerde risicoanalyse met betrekking tot producten die een rol kunnen spelen in de overdracht van HEV via varkensvlees naar de mens schat dat van de aan varkensvlees gerelateerde ziektelast 68% kan worden toegeschreven aan consumptie van gedroogde en/of gefermenteerde worst en 28% aan verse lever. Het beter verhitten van verse lever door de consument levert - wat betreft verse lever als route - een geschatte risicoreductie op van ~25% en het niet meer gebruiken van middenrif bij de productie van gedroogde en/of gefermenteerde worst vermindert het risico van dit product met ~60%. Een studie uit Zwitserland laat zien dat interventie op de productie van gedroogde en/of gefermenteerde worst waarin normaliter rauwe varkenslever wordt verwerkt (interventie: gebruik van kalfslever in plaats van varkenslever of screening op HEV van varkenslevers) i voorlichting aan consumenten (met betrekking tot het risico van HEV via vlees(producten)) tot een reductie in het aantal HEV-infecties bij de mens kan leiden (Ripellino et al., 2021).

Uit een studie naar de kosteneffectiviteit van het screenen van bloed van bloeddonoren blijkt dat in Nederland naar schatting 1 op de 700 HEV-infecties wordt veroorzaakt door bloedtransfusie. Van de chronische infecties wordt echter 1 op de 3,5 voorkómen (de Vos et al., 2017). De bijdrage van bloedtransfusie aan de totale ziektelast veroorzaakt door HEV is daarmee beperkt.

Beheersmaatregelen

Voor voedselveiligheid is het van belang dat varkens of geen HEV-infectie doormaken of een eventuele infectie hebben geklaard vóór de slachtleeftijd. Bij dat laatste speelt het moment van infectie mee, hoe jonger de infectie wordt opgelopen hoe groter de kans dat de infectie geklaard is voor de slacht (Boxman et al., 2022). Ook het slachten van varkens op een latere leeftijd vergroot de kans dat een doorgemaakte infectie geklaard is.

In diverse artikelen worden maatregelen genoemd die effect zouden kunnen hebben op HEV in varkens tijdens de slacht. Hierbij dient aandacht te zijn voor de paradox dat door het treffen van maatregelen het moment van uitscheiding kan verschuiven naar een latere leeftijd, met mogelijke gevolgen voor voedselveiligheid (EFSA BIOHAZ Panel, 2017a; Salines et al., 2020; Meester et al., 2021).

Voorlichting aan risicogroepen (immuungecompromitteerden, mensen met chronische leveraandoening, beenmerg- of orgaantransplantatie-patiënten) over risicoproducten kan helpen de ergste ziektegevallen

te voorkómen (EFSA BIOHAZ Panel, 2017a). In Nederland geeft het Voedingscentrum advies hierover (ook aan ziekenhuisdiëtisten) (Voedingscentrum, 2018).

Tenslotte kan door screening van donorbloed de route via bloedtransfusie worden beperkt. Dit wordt sinds 2017 standaard toegepast (Pas et al., 2017). Echter, bloeddonoren raken zelf waarschijnlijk via voedsel besmet, zodat aanpak van de voedselroute misschien meer kosten-efficiënt is (de Vos et al., 2017).

HEV is gevoelig voor verhitting, zodat voldoende garing het gevaar beheerst. Hoewel dit voor elk commercieel proces gevalideerd dient te worden door de producent, is dat voor leverproducten in de richting van minstens 20 min. bij 71 °C. Ook een verhitting equivalent aan 90 sec. bij 90 °C lijkt te volstaan om het gevaar adequaat te beheersen (EFSA BIOHAZ Panel, 2017a).

13.4.6.3 Risicokarakterisatie

- HEV veroorzaakt in Nederland ziektegevallen en ziektelast. Geschat wordt dat het in 2019 1.200 ziektegevallen betrof, waarvan er 13 overleden.
- Een HEV-infectie verloopt meestal asymptomatisch, maar bij mensen uit de risicogroep (met name patiënten met leveraandoening, immuungecompromitteerden) kan de ziekte een ernstiger beloop hebben of chronisch worden (orgaan- of beenmergtransplantatiepatiënten).
- De totale ziektelast voor 2019 wordt geschat op 460 DALY. Op basis van expertschattingen (de dato 2006) wordt het aandeel dat voedsel daarin heeft geschat op 14%; hiervan wordt 73% toegeschreven aan roodvlees.
- Voedsel is echter – op basis van huidige inzichten - zeer waarschijnlijk de belangrijkste besmettingsroute van de mens aan HEV. Consumptie van niet (goed) verhit vlees (inclusief lever) van met name varken, maar ook wild zwijn en hert/ree is een bekende bron van HEV-infecties.
- Goed inzicht in het belang van de verschillende blootstellingsroutes van de mens (in Nederland) aan HEV ontbreekt echter. Actieve bronopsporing en (inter)nationaal delen van sequenties kan dit inzicht vergroten.
- HEV komt in Nederland voor bij varkens, wilde zwijnen en hertachtigen. Ook runderen, geiten, schapen en paarden kunnen besmet raken met HEV. HEV wordt (ook in de EU) aangetroffen in melk van geiten en schapen en mogelijk daardoor ook op vlees van deze dieren. Bij melkveebedrijven (koeien) in de EU werd geen HEV in de melk aangetroffen.
- Het belangrijkste reservoir van HEV zijn varkens, gevolgd door wilde zwijnen. Hertachtigen lijken zelf geen reservoir te zijn maar te worden besmet via wilde zwijnen. Hertachtigen vormen daarmee echter wel een bron van blootstelling bij de mens.
- HEV komt algemeen voor bij varkens in Nederland (circa 80% van de dieren raakt geïnfecteerd en op bijna 100% van de bedrijven komt HEV voor) en een deel van de varkens (~10-45%) is positief voor HEV-RNA op moment van slachten.
- HEV wordt aangetroffen in bloed, lever en mest van de dieren.
- In varkensleverproducten (leverworst, paté) wordt vaak (circa 70%) HEV-RNA aangetroffen, in verse varkenslever (15%) en in Nederland geproduceerde gedroogde en/of gefermenteerde worst (15%) iets minder vaak. Op vers vlees of gehakt vlees kan ook HEV vóórkomen, maar werd in onderzoek in Nederland hierop niet aangetroffen. Ook bloedproducten gemaakt van varkensbloed zijn vaak (tot 90% van de batches) besmet met HEV.
- Leverproducten zijn verhit en vormen bij voldoende garing geen risico. Verse lever wordt minder goed verhit en vormt daardoor mogelijk een risico. Gedroogde en/of gefermenteerde worst is een rauw te consumeren vleesproduct waarin HEV zeer waarschijnlijk infectieus blijft. Bloedproducten worden als rauw ingrediënt toegevoegd aan vers vlees, vleesbereidingen en vleesproducten, waardoor dit soort producten een mogelijke (laag besmette) blootstellingsroute vormen.
- Gedroogde en/of gefermenteerde worsten uit Nederland bevatten lever door onbedoelde insleping (gebruik middenrif). Bij het ontbreken van voldoende inzicht in de infectiviteit van HEV in dergelijke producten en het gebrek aan een routinematige methode om dit vast te stellen, is het risico van dit soort producten te beheersen door het voorkómen van lever-insleping.
- Aandacht voor het productieproces van leverproducten en gedroogde en/of gefermenteerde worst blijft van belang.

- Varkensvlees(producten) vormen waarschijnlijk de belangrijkste blootstellingsroute in Nederland op basis van consumptiehoeveelheid en de HEV-prevalentie bij varkens in Nederland. Bij wild zwijn komt HEV minder vaak voor (<15% ooit geïnfecteerd; 10% positief bij slacht)) en de consumptie van vlees van wild zwijn ligt lager. De bijdrage van de overige dieren (geit, schaap, paard) is zeer beperkt op basis van de HEV-prevalentie bij deze dieren.
- Het verminderen van de prevalentie van HEV-positieve varkens aan de slachtlijn zal waarschijnlijk bijdragen aan het verlagen van de ziektelast. Onderzoek naar hoe dit voor de Nederlandse situatie te bereiken is, is daarom gewenst.
- Na een stijgende trend in waargenomen humane HEV-infecties tot 2015, neemt deze nu weer af. Onduidelijk is wat de oorzaak was van de stijging en ook van de huidige daling. Aan de dalende trend zouden de volgende maatregelen die sinds die tijd zijn getroffen kunnen hebben bijgedragen: het beter voorkómen van insleping lever in gedroogde en/of gefermenteerde worst, voorlichting aan de risicogroep m.b.t risicoproducten en screening van bloeddonoren.

HEV wordt beschouwd als relevant gevaar binnen de roodvleesketen voor vlees van varken en in mindere mate voor vlees van wild zwijn (en hert). HEV wordt aangetroffen in lever(producten) van deze dieren en in binnenlandse gedroogde en/of gefermenteerde worst (varkensvlees).

Consumptie van roodvlees en grofwild (producten met lever) geeft een risico voor de volksgezondheid met betrekking tot HEV. De ernst van een (systemische) HEV-infectie wordt gecategoriseerd als hoog (100-999 DALY/1.000 cases). De kans op blootstelling aan een hoeveelheid virusdeeltjes die relevant is voor de gezondheid wordt voor varkensvlees en vlees van wild zwijn geschat als laag (<2.000 cases/jaar).

13.4.7 Toxoplasma gondii

13.4.7.1 Gevarenkarakterisatie

Toxoplasma gondii is een obligate intracellulaire parasiet in de groep protozoa (eencellige, eukaryotische micro-organismen). *T. gondii* heeft een complexe levenscyclus. Katachtigen zijn de eindgastheer van de parasiet en deze scheiden via feces oöcysten in de omgeving uit die na sporulatie, die in het Nederlandse klimaat 2 tot 3 dagen duurt, besmettelijk worden (RIVM, 2009). Een grote variëteit aan warmbloedige dieren is tussengastheer en in deze tussengastheren ontwikkelen zogenaamde weefselcysten in onder andere spieren, lever en hersenen (RIVM, 2009; EFSA BIOHAZ Panel et al., 2018).

Bij de meeste mensen verloopt een infectie met *T. gondii* zonder symptomen of met milde klachten, maar er kan ook een ontsteking van het oog optreden (chorioretinitis). Raakt een zwangere tijdens haar zwangerschap voor het eerst besmet met *T. gondii*, dan kan het ongeboren kind in utero worden besmet (verticale transmissie, congenitale infectie). Een infectie tijdens de zwangerschap kan leiden tot een miskraam, doodgeboorte of tot een kind dat geboren wordt met afwijkingen aan de ogen of het zenuwstelsel die soms pas na jaren duidelijk zijn (RIVM, 2009).

Het aantal cysten (oöcysten, weefselcysten) dat nodig is om infectie bij de mens te veroorzaken is niet bekend (EFSA BIOHAZ Panel et al., 2018). In een door Opsteegh et al. (2011b) uitgevoerde QMRA wordt uitgegaan dat een dosis van 452 bradyzoïeten (de infectieuze vorm die in weefselcysten vóórkomt) volstaat om 50% van de blootgestelden te infecteren. Wel is bekend dat er verschil zit in de virulentie van de verschillende *T. gondii* stammen. In Europa en Noord-Amerika komen bij mens en vee voornamelijk stammen voor van het type I, II en III (afzonderlijke clonale lijnen) waarbij type II en III het vaakst vóórkomen. In Zuid-Amerika is de genetische diversiteit groter – waarbij type I vaker vóórkomt dan in Europa en Noord-Amerika - en komen naast al deze typen ook atypische stammen voor. Deze atypische stammen en die van het type I veroorzaken ernstigere oculaire toxoplasmose dan type II stammen. Daarnaast komen er daar ook stammen voor die een geheel ander en ernstiger ziektebeeld veroorzaken (longproblemen, fatale afloop). Mogelijk verklaart dit het ernstigere beloop van toxoplasmose in Zuid-Amerika (RIVM, 2009; EFSA BIOHAZ Panel et al., 2018; Galal et al., 2019).

Naast stam-eigenschappen, heeft de gezondheidsstatus van de gastheer ook invloed op de ernst van een opgelopen infectie. Mensen met een zwak immuunsysteem (immuungecompromitteerden),

bijvoorbeeld door een transplantatie, hebben een verhoogde kans op een ernstig beloop. Dit geldt ook voor het ongeboren kind (congenitale toxoplasmose) (RIVM, 2009).

Parasieten kunnen niet uitgroeien buiten hun levende gastheer. Er vindt daarom geen toename van *T. gondii* plaats in levensmiddelen (US FDA, 2012) (Tabel 13.16).

13.4.7.2 Blootstellingsschatting

Besmettingsroutes naar de mens

T. gondii wordt voornamelijk op de mens overgedragen via twee hoofdbesmettingsroutes. De ene route is die door consumptie van vlees waarin zich levende weefselcysten bevinden. De andere route is die door opname van infectieuze oöcysten afkomstig uit feces van een geïnfecteerde kat. Dit kan door contact met de kattenbak (uitwerpselen van >1 dag oud; oöcysten zijn pas na rijping infectieus) of via een met kattenfeces besmette omgeving, hetzij rechtstreeks bijvoorbeeld bij het tuinieren via de handen, hetzij indirect via consumptie van groenten, rauwe schaal- of schelpdieren of water. Katten worden besmet door het eten van weefselcysten in prooidieren (muizen en ratten) of vlees(afval). Naast deze twee hoofdbesmettingsroutes kan de mens besmet raken via transplantatie van organen (zeer uitzonderlijk via bloedproducten) en of rauwe melk. Daarnaast kan *T. gondii* verticaal worden overgedragen tijdens de zwangerschap, waarbij *T. gondii* door de placenta heen het ongeboren kind besmet. Dit is een ernstige vorm van toxoplasmose (zie 13.4.7.2.4.2) (RIVM, 2009).

Aantreffen in de keten

Toxoplasma gondii komt voor bij alle dieren uit de roodvlees- en grofwildketen. Deze dieren zijn tussengastheer en zijn vaak symptomeloos drager, maar bij schapen en geiten en soms ook varkens kan toxoplasmose tot abortus, encefalitis of oogafwijkingen leiden (RIVM, 2009; MSD, 2022).

Dieren die buiten gehouden worden hebben een hogere kans de parasiet bij zich te dragen, dan dieren die binnen worden gehouden (EFSA BIOHAZ Panel, 2007; EFSA BIOHAZ Panel et al., 2018; Swanenburg et al., 2019). Dieren raken met *T. gondii* (oöcysten) besmet door voer (onder andere gras) of water. De oöcysten kunnen lang in het milieu overleven en worden ook via regen of wind verspreid, waardoor er geen direct verband hoeft te zijn met aanwezigheid van katten in de nauwe omgeving (FAO, 1998; Hinton, 2000; FAO & WHO, 2008; Innes et al., 2009; de Jonge, 2017). Tussengastdieren besmetten elkaar onderling niet via de feco-orale route, dit is alleen mogelijk door consumptie van rauw (of niet gaar) vlees waarin zich weefselcysten bevinden (RIVM, 2009).

Factoren die een hogere blootstelling van dieren aan *T. gondii* kunnen indiceren zijn aanwezigheid van katten op de boerderij, grazen, de bron van het drinkwater, abortus in het verleden, afwezigheid van vaccinatie tegen *T. gondii*, geografische locatie en houderij-eigenschappen zoals grote kuddes (EFSA, 2013; de Azevedo Filho et al., 2020).

Een eenmaal verworven infectie blijft gedurende de rest van het leven bestaan, waarbij de antistofproductie in stand blijft. De (serologische) prevalentie in een populatie neemt dus toe met de leeftijd, zowel bij mens als dier (RIVM, 2009).

Er is er geen routinematige testmethode om levensvatbare weefselcysten in vlees aan te tonen (EFSA BIOHAZ Panel et al., 2018). De muizeninoculatietest is nog steeds de gouden standaard, maar deze is duur en kent ethische bezwaren. Dit compliceert het aantonen van *T. gondii* in vlees of karkassen. Serologische diagnostiek (het aantonen van antilichamen in het bloed) daarentegen is onvoldoende betrouwbaar om besmetting van productiedieren of van vlees met cysten te kunnen bepalen. Enerzijds komt bij 2 tot 5% van seronegatieve dieren toch cysten in het vlees voor. Omgekeerd is het ook mogelijk dat in seropositieve dieren geen cysten aangetoond kunnen worden. De overeenkomst tussen de detectie van antilichamen en detectie van cysten in seropositieve dieren varieert tussen verschillende diersoorten: 59% in varkens, 39% in schapen, 34% in geiten, 9-14% in paarden en 4% in runderen. Voor varkens en kleine herkauwers kan serologie wel gebruikt worden voor het opsporen van positieve bedrijven. Bij rund en paard is de overeenkomst tussen serologische resultaten en de detectie van cysten

in het vlees zo slecht, dat serologie niet geschikt is voor het opsporen van positieve bedrijven (Opsteegh et al., 2016a; Vlaanderen et al., 2020).

Studies naar het vóórkomen van *T. gondii* maken gebruik van verschillende onderzoeks- en bemonsteringsmethoden. Door verschillen in specificiteit en sensitiviteit van de diagnostische methoden en van de bemonsteringsmethoden (wel/geen abortus, klinisch verdacht of niet, leeftijd van de dieren) is de prevalentie in dieren tussen de verschillende landen niet goed vergelijkbaar (EFSA BIOHAZ Panel, 2013c).

Tabel 13.15 *Toxoplasma gondii* in de roodvlees- en grofwildketen. Data GD en RIVM ⁽⁶⁾; 2015-2019.

| Ketenschakel | Product | Diersoort | | # Positief | # Totaal | % Positief |
|-------------------------|---------|-----------|------------|------------|--------------|-------------|
| Boerderij | Dier | Schaap | Pathologie | 18 | 1.907 | 0,9% |
| | | Geit | Pathologie | 9 | 1.678 | 0,5% |
| Slachthuis ⁶ | Dier | Rund | | 2 | 100 | 2,0% |
| Totaal | | | | 29 | 3.685 | 0,8% |

⁶ Data RIVM

Varken

EFSA heeft *T. gondii* geprioriteerd als een gevaar met een medium relevantie in het kader van vleesinspectie van varkens (EFSA BIOHAZ Panel, 2011b).

In Nederland is in de periode 2012-2016 op grote schaal serologische screening bij vleesvarkens uitgevoerd (circa 226.000 dieren). De seroprevalentie varieerde van 1,4% in 2016 tot 2,8% in 2014 (Tabel 13.15, Tabel 13.20) en was hoger bij biologisch gehouden dieren dan bij regulier gehouden dieren (Swanenburg et al., 2019; Vlaanderen et al., 2020).

In de periode 2019-2020 is in Nederland met behulp van serologie op bedrijfsniveau onderzocht in welke mate varkens worden blootgesteld aan *T. gondii* (1.404 bedrijven onderzocht) (van Asseldonk et al., 2021). Bij 96% van deze bedrijven was geen van de onderzochte dieren serologisch positief. Bij circa 2% was minder dan 1% van de onderzochte dieren positief en bij minder dan 1% van de bedrijven was de geschatte seroprevalentie op dierniveau meer dan 2%. Geschat werd dat gemiddeld de seroprevalentie op deze bedrijven 0,1% bedroeg.

In de EU werden in 2019 door vier landen (Oostenrijk, Duitsland, Italië en Slowakije) gegevens met betrekking tot het vóórkomen van *T. gondii* in varkens gerapporteerd. Het merendeel is serologisch onderzoek, maar in niet alle gevallen is duidelijk of het hierbij gaat om klinisch verdachte dieren (*suspect sampling*) of dieren in het algemeen (objectief onderzoek). De gemiddelde seroprevalentie bedroeg in 2019 12% (circa 1.100 dieren onderzocht). In de onderzoeken met meer dan 100 monsters (3 onderzoeken) varieerde de seroprevalentie van 3% (details over monstername ontbreken) tot 20% (objectief, monitoring) (EFSA & ECDC, 2021b). Een mogelijke verklaring voor de lagere seroprevalentie in Nederland in vergelijking met deze EU-data is enerzijds dat het onderzoek in Nederland een steekproef was met gezonde dieren, terwijl onduidelijk is in welke mate dat geldt voor de onderzoeken die bij EFSA worden gerapporteerd. Daarnaast is de dominante houderijvorm in Nederland die waarbij varkens binnen gehouden worden, terwijl dat in andere landen anders kan zijn. Dat dit laatste effect heeft op de seroprevalentie laat ook onderzoek uit Letland (2010-211) zien, waarbij varkens uit de intensieve veehouderij 0,4% van de dieren positief was, terwijl dat 6% was voor dieren met een vrije uitloop (Deksne & Kirjušina, 2013).

Rund

EFSA heeft in het kader van de vleesinspectie *T. gondii* geprioriteerd als een gevaar voor wat betreft de consumptie van rundvlees, maar met een onbepaalde relevantie vanwege gebrek aan goed bewijs.

Het ontbrak onder andere aan een duidelijke epidemiologische link tussen consumptie van rundvlees en het oplopen van toxoplasmose en een goede EU-brede bronattributie voor de verschillende

blootstellingsroutes en de bijdrage van rundvlees daarin (EFSA BIOHAZ Panel, 2013d). Inmiddels zijn meer data beschikbaar (zie ook bronattributie) (EFSA BIOHAZ Panel et al., 2018).

Zo is in Nederland (in het kader van een Europese studie) in 2013 en 2014 een onderzoek uitgevoerd met betrekking tot *T. gondii* in runderen aan de slachtlijn, waarbij bij 2 van de 100 dieren levende *T. gondii* weefselcysten werden aangetoond met een muis-bioassay gecombineerd met PCR (Opsteegh et al., 2019) (Tabel 13.15, Tabel 13.21). De gemiddelde prevalentie in deze studie was 1,6% (circa 400 dieren; Nederland, Italië, Roemenië, Verenigd Koninkrijk) (Opsteegh et al., 2016b).

In Nederland vindt geen standaard monitoring plaats op *T. gondii* in runderen (Vlaanderen et al., 2020) en ook bij de GD zijn geen gegevens voorhanden.

In de EU werden in de periode 2015-2019 door verschillende landen (max. 8 per jaar) gegevens over het vóórkomen van *T. gondii* bij runderen gerapporteerd. In deze periode werd op dier-niveau een prevalentie van 9% (circa 4.600 dieren onderzocht) waargenomen, waarbij dit varieerde van 3% tot 28%. Het betreft veelal data uit klinisch onderzoek en/of *suspect sampling*. Zo was in 2019 de gemiddelde prevalentie 9%, waarbij dit varieerde van 1% (kalfjes, geen nadere details, onbekend welke matrix/methode) tot 50% (runderen ouder 2 jaar, klinisch onderzoek, *suspect sampling*, onbekend welke matrix/methode) (EFSA & ECDC, 2021b).

Het lijkt erop dat (op basis van beperkte data) het aantal cysten dat in runderen wordt aangetroffen lager is dan in andere diersoorten (varken, kleine herkauwers, vrije uitloop kippen, wild en paarden) (EFSA BIOHAZ Panel, 2013c).

EFSA geeft aan in haar opinie over voedselgerelateerde parasieten dat door het vóórkomen van meer virulentere *T. gondii*-stammen in Zuid-Amerika, het feit dat vers, niet-bevroren rundvlees vanuit Zuid-Amerika in de EU wordt geïmporteerd en in Europa rundvlees rauw of niet-goed gegaard wordt gegeten, de import van dit vlees een *emerging threat* vormt voor volksgezondheid in Europa (zie ook paardenvlees) (EFSA BIOHAZ Panel et al., 2018). Dit gevaar van geïmporteerd niet-bevroren vers vlees uit Zuid-Amerika werd overigens eerder al benoemd door het RIVM (Opsteegh et al., 2011a). Onderzoek laat zien dat de prevalentie van *T. gondii*-DNA hoog kan zijn in rundvlees uit Zuid-Amerika (2-37%; Brazilië, Colombia) (Dubey et al., 2020).

In de periode 2015-2019 werd 952 miljoen kilo vers rundvlees vanuit Zuid-Amerika naar de EU geëxporteerd, waarvan 248 miljoen kg (26%) via Nederland. Dit vlees wordt grotendeels (76%) gekoeld getransporteerd, de rest is bevroren. Import van levend rundvee is geen (belangrijke) route voor de introductie van de virulentere *T. gondii*-stammen. In de periode 2015-2019 werden vanuit Zuid-Amerika geen levende runderen geïmporteerd naar de EU (EU, 2022).

Kleine herkauwers

T. gondii is door EFSA geclassificeerd als een hoge prioriteit voor de volksgezondheid in het kader van vleeskeuring van kleine herkauwers, vanwege de ernst van de aandoening en het feit dat consumptie van vlees van kleine herkauwers een belangrijke risicofactor hierin is (EFSA BIOHAZ Panel, 2013f).

T. gondii is een belangrijke oorzaak van verwerpen bij kleine herkauwers, maar er is geen monitoringssysteem voor landbouwhuisdieren in Nederland (Vlaanderen et al., 2020). Pathologisch onderzoek van de GD laat zien dat zowel bij schapen (0,9%; circa 1.900 dieren) als geiten (0,5%; ca. 1.700 dieren) *T. gondii* wordt aangetroffen bij dieren die ter onderzoek worden aangeboden (Tabel 13.15, Tabel 13.22, Tabel 13.23).

In een studie uitgevoerd bij Nederlandse melkgeiten (binnen-huisvesting; 1664 dieren, 52 bedrijven) was 13% van de dieren serologisch positief en werd bij 62% van de bedrijven ten minste één serologisch positief dier aangetroffen (Deng et al., 2016; Opsteegh et al., 2016b). Eerder onderzoek liet nog een seroprevalentie van 47% zien bij geiten (Antonis et al., 1998). Hierbij was het onderzoek echter risicogericht van opzet, namelijk uitgevoerd op bedrijven met een abortusprobleem. Bij Nederlandse schapen

werd een gemiddelde seroprevalentie van 28% waargenomen, waarbij jongere dieren (<1 jaar; circa 340 dieren) minder vaak positief waren (20%) dan de oudere dieren (>1 jaar, circa 130 dieren; 48%). Ook werden regionale verschillen waargenomen (Opsteegh et al., 2010).

In Europa was de *T. gondii* prevalentie in geiten en schapen in de primaire fase in 2015-2019 21% (32.997 dieren; per jaar 11-12 landen die rapporteren). Het is niet altijd duidelijk om wat voor onderzoek het gaat. Zo werd in 2019 in ruim de helft (55%) van de gevallen aangegeven dat het gaat om monsters getest van geaborteerde dieren of klinisch verdachte dieren (*organ/tissue, foetus/stillbirth; suspect sampling*); van deze monsters was 7% positief. Hoewel bij de rest van de monsters deze informatie ontbreekt gaat het meestal (38%) om klinisch onderzoek. Monsters genomen op basis van *suspect sampling* zijn in 6% van de gevallen positief, niet-klinisch onderzoek in 7% en klinisch onderzoek in 21%. Ongeacht het type onderzoek (*suspect*, (niet)klinisch) was bloedonderzoek in 18% van de gevallen positief, terwijl onderzoek na verwerpen/abortus in 6% van de gevallen positief was. Van het totaal aan monsters was 13% positief. Onduidelijk is verder – zoals eerder al aangegeven – welke analysemethode is gebruikt, zodat de data alleen een indruk geven dat dieren besmet kunnen zijn met *T. gondii* en niet zo zeer een beeld geven van de prevalentie in de algehele populatie (EFSA & ECDC, 2021b). Studies naar de seroprevalentie bij kleine herkauwers laten een spreiding zien van 4-92% in schapen en 4-77% in geiten (EFSA BIOHAZ Panel, 2013f; Opsteegh et al., 2016b).

Onderzoek laat zien dat in vlees van kleine herkauwers infectieuze weefselcysten voor kunnen komen, maar gegevens over prevalenties zijn schaars. In Frankrijk werd – op basis van waargenomen prevalenties – geschat dat 5% van de karkassen van schapen levende oöcysten bevat, waarbij de geschatte seroprevalentie 18% was voor lammeren en 89% voor volwassen dieren (Halos et al., 2010). Ondanks de schaarste aan prevalentiedata, wordt in zuidelijk Europa vlees van kleine herkauwers als belangrijkste voedselbron van *T. gondii* beschouwd (EFSA BIOHAZ Panel, 2013f). In Nederland is de consumptie van vlees van kleine herkauwers niet hoog, maar in een kwantitatieve risicoschatting uitgevoerd voor de situatie in Nederland wordt geschat dat schapenbout per portie de hoogste kans op infectie heeft (Deng et al., 2020).

Paarden

EFSA stelt in haar opinie over de vleeskeuring van karkassen van eenhoevigen (paarden) dat *T. gondii* vóórkomt bij paarden in de EU en in vlees van paarden. Daarnaast is er bewijs dat consumptie van vlees van paarden tot humane toxoplasmose-gevallen heeft geleid. Het bleef echter onduidelijk of vlees van paarden een belangrijke rol speelt in de blootstelling aan *T. gondii* van de mens (EFSA BIOHAZ Panel, 2013c).

Deze onduidelijkheid komt voort uit het feit dat er maar een paar (<5) humane toxoplasmose-gevallen bekend zijn die konden worden gelinkt aan consumptie van paardenvlees. Dit vlees was overigens deels afkomstig uit Zuid-Amerika en betrof hoog-pathogene typen die daar vóórkomen. Ook bestaat onduidelijkheid over de prevalentiedata zelf, door het gebruik van methodes met een zeer lage sensitiviteit en het feit dat serologisch onderzoek niet lijkt te correleren met aanwezigheid van weefselcysten. Het lijkt er op dat (op basis van beperkte data) het aantal cysten dat in paarden wordt aangetroffen lager is dan in andere diersoorten (varken, kleine herkauwers, vrije uitloop kippen, wild), maar hoger dan bij runderen (EFSA BIOHAZ Panel, 2013c). Aanvullend onderzoek toont aan dat er geen correlatie zit tussen directe (aantonen weefselcysten) en indirecte (serologische) *T. gondii*-detectie-methoden bij paarden (Opsteegh et al., 2016b). Ook in dit onderzoek is de conclusie dat het aantal cysten in paarden waarschijnlijk laag is.

De seroprevalentiedata van *T. gondii* in paarden die EFSA noemt in haar opinie varieert tussen 0 en 90%, maar is gebaseerd op verschillende methodes waardoor de getallen niet (goed) met elkaar te vergelijken zijn. In Nederland zou de seroprevalentie 7% bedragen. De waargenomen prevalentie van *T. gondii* cysten bij paarden in de EU in de periode 2007-2011 was 0,2% (circa 600 dieren), er waren geen data over het vóórkomen van deze parasiet in karkassen van paarden (EFSA BIOHAZ Panel, 2013c). In 2019 werd door 2 landen data gerapporteerd over onderzoek naar het vóórkomen van *T. gondii* bij paarden. Het ging om minder dan 5 monsters, allen negatief (EFSA & ECDC, 2021b). In een Europese studie (uitgevoerd in

Frankrijk en Servië) werd bij 11% van de onderzochte dieren (282 dieren) weefselcysten aangetoond (Opsteegh et al., 2016b).

EFSA geeft aan in haar opinie over voedselgerelateerde parasieten dat door het vóórkomen van meer virulentere *T. gondii*-stammen in Zuid-Amerika, het feit dat vers, niet-bevroren paardenvlees vanuit Zuid-Amerika in de EU wordt geïmporteerd en in Europa paardenvlees rauw of niet-goed gegaard wordt gegeten, de import van dit vlees – net als rundvlees – een *emerging threat* vormt voor de volksgezondheid in Europa (EFSA BIOHAZ Panel et al., 2018). Dit is ook gebaseerd op de hierboven beschreven ziektegevallen.

Naast vlees zou import van levende slachtdieren een route kunnen zijn waarlangs de meer virulente *T. gondii*-stammen die in Zuid-Amerika vóórkomen kunnen worden geïntroduceerd in de Europese voedselketen. Import van dieren voor de slacht is beperkt mogelijk vanuit Zuid-Amerika (wetgeving geldend vanaf 3^e kwartaal 2021), namelijk alleen vanuit Argentinië, Chili, Paraguay en Uruguay. In de periode 2015-2019 werden geen slachtpaarden vanuit Zuid-Amerika de EU ingevoerd (EUROSTAT).

Wild zwijn

EFSA heeft *T. gondii* geprioriteerd als een gevaar met een hoge relevantie in het kader van de vleesinspectie van gehouden wilde zwijnen, op basis van de ernst van de aandoening en het feit dat deze parasiet wordt aangetroffen bij (gehouden) wild zwijn (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e).

In Nederland is de seroprevalentie bij wilde zwijnen bepaald in 2002/2003 (circa 510 dieren) en 2007 (circa 460 dieren). Gemiddeld was dat voor beide periodes 24% en er was geen geografisch verschil (Veluwe, Roerstreek). Er werd echter een zeer snelle stijging van de seroprevalentie waargenomen tot een leeftijd van ongeveer 10 maanden, waarna deze stabiliseerde op circa 35% (Opsteegh et al., 2011c).

In Finland werd bij gehouden wilde zwijnen een seroprevalentie waargenomen van 33% op dierniveau, bij geschoten wilde zwijnen in de EU varieerde dat tussen 8 en 38% (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e). Sindsdien zijn meerdere studies uitgevoerd in Europa. In Zweden (2005-2011) bleek 34% van de jonge dieren en 55% van de volwassen dieren (>12 maanden) serologisch positief (circa 1.300 dieren). Waarbij er regionale verschillen werden aangetoond tussen Zuid-Zweden (65%) en andere delen van het land (29% – 45%) (Wallander et al., 2015). In Duitsland (2017-2019) werd een seroprevalentie van 24% waargenomen (circa 180 dieren), waarbij jonge dieren minder vaak positief waren dan oudere dieren (Bier et al., 2020). In Tsjechië (2008-2010) bedroeg de gemiddelde seroprevalentie 40% (circa 660 dieren). Jonge dieren (<1 jaar) waren minder vaak positief (26%) dan oudere dieren (>1 jaar; 50%) en geografisch werd verschil gezien (32-59%) (Racka et al., 2015). In andere studies werden seroprevalenties in dezelfde range waargenomen, variërend van 21% tot 35% (Estland, Letland, Portugal, Spanje, Zwitserland) (Deksne & Kirjušina, 2013; Coelho et al., 2014; Jokelainen et al., 2015; Calero-Bernal et al., 2016; Bassi et al., 2021). In Polen lag dat hoger met 71% (circa 100 dieren) (Wiszniewska-Laszczych et al., 2019). In de studie uit Letland werd bij gehouden wild zwijn een lagere seroprevalentie (factor 1,7) waargenomen dan bij vrij-levende dieren (Deksne & Kirjušina, 2013). In een meta-analyse van Rostami et al. (2017) werd voor Europa (publicaties tussen 1995-2017: 29 studies, circa 14.000 dieren) een gemiddelde seroprevalentie van 26% (95% BHI: 21-30%) berekend.

Hertachtigen

EFSA heeft *T. gondii* geprioriteerd als een gevaar met een hoge relevantie in het kader van de vleesinspectie van gehouden herten gecategoriseerd, op basis van de ernst van de aandoening en het feit dat deze parasiet wordt aangetroffen bij (gehouden) hertachtigen (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e).

In studies bij vrij-levende herten in Europa varieerde de seroprevalentie 5 tot 45% (Frankrijk, Noorwegen, Spanje en Tsjechië). Bij gehouden herten in Nieuw Zeeland was de gemiddelde seroprevalentie 53%, waarbij dieren jonger dan 1 jaar een duidelijk lagere seroprevalentie hadden (15%) dan dieren ouder dan 8 jaar (87%). Ook zijn levende cysten aangetoond in vlees van hertachtigen (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e). Fanelli et al. (2021) hebben een meta-analyse uitgevoerd op publicaties (1990-2019) met betrekking tot seroprevalentie in reeën en edelherten in Europa. Uit de geïnccludeerde studies (reeën: 16, edelhert: 8) volgt dat de gemiddelde seroprevalentie in Europa 29% (95% BHI: 23-35%) is voor reeën en 15% (95 BHI:

10-20%) voor edelherten. Met regionale verschillen van 21% in het Zuid-Europa en 40% in West-Europa. De eerder aangehaalde studie van Bier et al. (2020) uit Duitsland ligt net buiten dat betrouwbaarheidsinterval met een seroprevalentie van 6% voor edelherten en 13% bij reeën. Ook beschreven zij een leeftijdseffect met hogere seroprevalenties bij oudere dieren.

Overige diersoorten

T. gondii is door EFSA niet geïnventariseerd als relevant gevaar via vlees van struisvogel vanwege gebrek aan bewijs dat deze parasiet vóórkomt in gehouden struisvogels in Europa (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e).

Een onderzoek uit Tsjechië bij gehouden struisvogels toont echter aan dat deze parasiet vóórkomt bij deze dieren in Europa. Van de onderzochte dieren (circa 410 dieren) was 36% serologisch positief, waarbij dit per bedrijf (9 bedrijven onderzocht) tussen de 8-71% op dierniveau lag. Ook waren er regionale verschillen (8-65%). Bij 1 dier (seronegatief) werden weefselcysten aangetroffen (hart, hersenen) (Bártová et al., 2021).

Ook verschillende studies buiten Europa laten zien dat struisvogels (bestemd voor consumptie) besmet kunnen zijn met *T. gondii*. Seropositieve struisvogels werden aangetoond in onder andere Canada (3%) (Dubey et al., 2000), China (6%, allen negatief voor weefselcysten) (Feng et al., 2017) en Brazilië (11%) (da Silva & Langoni, 2016). In deze laatste studie werden weefselcysten aangetroffen bij 37% van de seropositieve dieren, terwijl 66% positief was d.m.v. PCR-onderzoek.

Gezien het feit dat struisvogelvlees (biefstuk), net als rundvlees, ook rauw/medium gaar wordt gegeten, kan vlees van deze dieren een risico voor de voedselveiligheid betekenen met betrekking tot het oplopen van een *T. gondii*-infectie.

Overleving in de keten

Weefselcysten blijven infectieus in gekoelde (1-4 °C) karkassen of vlees gedurende in elk geval 3 weken. In muizenhersenen zelfs langer: tot 7 weken (na 8 weken afgedood) (Djurkovic-Djakovic & Milenkovic, 2000) of 2 maanden bij 4 °C (Dubey, 2000). Dit is met name relevant voor de import van vers (gevacumeerd) gekoeld vlees uit Zuid-Amerika. Dit vlees heeft een lange houdbaarheid (in maanden), mogelijk zelfs tot 6 maanden (Sumner et al., 2021). Dat zou kunnen betekenen dat goed bestorven Zuid-Amerikaans rundvlees mogelijk geen risico vormt. Echter, vacumeren lijkt de levensvatbaarheid van *T. gondii* in vlees te verlengen. In een bewaarexperiment bleek namelijk het bewaarde vlees van met *T. gondii* geïnfecteerde geiten na afloop (6 weken) nog steeds infectieus (Neumayerová et al., 2014).

Weefselcysten overleven invriezen wel bij temperaturen tussen -1 en -8 °C gedurende langer dan een week (Dubey, 2000; Tenter et al., 2000). Invriezen gedurende 2 dagen bij temperaturen van 12 °C of lager overleven weefselcysten van deze parasiet echter niet, net zo min als verhitten bij 67 °C. Een hoge druk behandeling (≥ 300 MPa) is ook effectief (EFSA BIOHAZ Panel et al., 2018). Neumayerová et al. (2014) toonden aan dat *T. gondii*-weefselcysten in geitenvlees na 4 uur invriezen bij -20 °C niet meer infectieus waren.

Er zijn studies die laten zien dat het verduurzamen van vlees door drogen/zouten/roken weefselcysten doodt, maar de mate waarin hangt af van de zoutconcentratie, het type zout en de bewaartijd en -temperatuur (Tenter et al., 2000; Bayarri et al., 2010; Pott et al., 2013; Neumayerová et al., 2014; Herrero et al., 2017; Mirza Alizadeh et al., 2018). Ook neemt de levensvatbaarheid van *T. gondii* af in producten met een lange fermentatietijd (Guo et al., 2015). Gedroogde en gefermenteerde vleesproducten worden geassocieerd met een hogere kans op blootstelling aan levensvatbare weefselcysten dan bevroren of verhit vlees (Guo et al., 2015). Anderzijds laat een studie uit Italië zien dat de meeste *T. gondii* infecties op basis van modelberekeningen worden toegeschreven aan consumptie van vers vlees of vleesbereidingen en in veel mindere mate aan gefermenteerde worst/salami (Condoleo et al., 2018). Maar het is bekend dat in rauwe ham infectieuze weefselcysten kunnen vóórkomen (EFSA BIOHAZ Panel et al., 2018).

In een recente studie is de overleving van *T. gondii* tijdens het productieproces van gedroogde, gefermenteerde worst en ander verduurzaamd varkensvlees bestudeerd (Dámek et al., 2023). Al binnen een paar uur na toevoeging van de additieven bleek geen infectieuze *T. gondii* meer te worden

aangetroffen in deze producten. Deze inactivatie werd al bereikt met alleen het toevoegen van zout (2,6% NaCl), waarbij de toevoeging van nitraat en nitriet een versterkend effect hadden. Door de beperkte proefopzet houden de onderzoekers een slag om de arm. Maar ook andere studies laten zien dat in dit soort producten *T. gondii* (snel) wordt geïnactiveerd en al vanaf 1,3% zout (zie referenties in (Dámek et al., 2023)).

Ziektegevallen en ziektelast

Ziektegevallen en uitbraken

Er is geen goed beeld van het aantal mensen dat een *T. gondii*-infectie oploopt in Nederland, doordat er geen surveillance plaatsvindt. Ook is er geen actieve screening bij zwangeren. Er wordt wel (eens in de zoveel jaar) serologisch onderzoek uitgevoerd. In 1995-1996 was de gemiddelde seroprevalentie 41% en in 2006-2007 was dat 25%. Vergelijking van deze data met onderzoek uit 1987-1988 laat zien dat de seroprevalentie inderdaad afneemt in de tijd. Vergelijking tussen de verschillende periodes is alleen mogelijk voor de groep “vrouwen van 15-49 jaar”. Voor deze groep nam de seroprevalentie af van 46% naar 35% en vervolgens 19% (Kortbeek et al., 2004; RIVM, 2009; Hofhuis et al., 2011). De meest recente data (2016-2017; nog geen volledige data-analyse gepubliceerd) laten een lichte stijging (31%) zien in de gemiddelde seroprevalentie, wat voornamelijk veroorzaakt lijkt door de oudere leeftijdsgroepen (in 2016-2017 zijn in tegenstelling tot de andere jaren ook personen van 80-89 jaar onderzocht). In de leeftijdsgroep van 15-49 jaar lijkt de prevalentie niet veel te zijn veranderd ten opzichte van de eerdere studies (Vlaanderen et al., 2022).

Geschat wordt dat in Nederland de incidentie van congenitale toxoplasmose 2 op de 1.000 levend geboren per jaar is (Kortbeek et al., 2009). Deze incidentieschatting is gebaseerd op screeningsonderzoek (IgM-antilichamen) van hielprikbloed (2006). Uit de studie uitgevoerd in 2016-2017 volgt een lagere incidentie (data nog niet gepubliceerd).

Op EU-niveau is alleen inzicht in bevestigde congenitale toxoplasmose-gevallen, wat in de meeste Europese landen een meldingsplichtige ziekte is, al dan niet met actieve surveillance. In 2019 werden 176 ziektegevallen gemeld, wat neerkomt op een gemiddelde incidentie van 5,2 gevallen per 100.000 levend geboren (EFSA & ECDC, 2021a). De meeste gevallen (76%) worden gerapporteerd door Frankrijk, wat verklaard wordt door de actieve screening van zwangere vrouwen in dit land. De jaarlijkse incidentie per 100.000 levend geboren is in Frankrijk het hoogst (18,8) en in de andere landen 0-5,1 per 100.000 levend geboren. De bron van infectie wordt daarbij niet vermeld (EFSA & ECDC, 2021a).

Sinds de surveillance in 2004 zijn er in de EU geen voedselgerelateerde uitbraken gemeld bij EFSA (EFSA & ECDC, 2021a). Uitbraken veroorzaakt door *T. gondii* zijn dus vrij zeldzaam of worden niet opgemerkt en/of gerapporteerd. Mogelijk heeft dit te maken met de relatief milde en niet specifieke klachten die toxoplasmose meestal heeft, terwijl de ernstiger klachten pas later optreden en maar bij een beperkt deel van de patiënten (EFSA BIOHAZ Panel et al., 2018). Er zijn echter wel uitbraken beschreven door consumptie van vlees (rauw/niet-gaar) in Europa, onder andere paardenvlees (EFSA BIOHAZ Panel et al., 2018) en lamsvlees (EFSA BIOHAZ Panel, 2013f; Dubey, 2021).

De data uit de EU laten zien dat de geschatte incidentie (per 100.000 levend geboren) van congenitale toxoplasmose in Nederland 10 keer hoger ligt dan de hoogst waargenomen incidentie (Frankrijk). Voor het schatten van de jaarlijkse incidentie van ziektegevallen veroorzaakt door voedseloverdraagbare pathogenen gaat Frankrijk ervan uit dat de actieve surveillance bijna alle gevallen van congenitale toxoplasmose waarneemt. Voor de periode 2008-2013 werd de jaarlijkse incidentie geschat op 300 gevallen (op basis van gemiddeld 256 waargenomen gevallen) (Van Cauteren et al., 2017; Augustin et al., 2020). De geschatte jaarlijkse incidentie voor Frankrijk komt dan op circa 2 gevallen per 10.000 levende geboren en dus bijna 10 keer lager dan nu voor Nederland wordt geschat. Het is onduidelijk waardoor dit verschil komt.

Ook verschillend met Frankrijk is dat in dat land het geschatte aantal niet-congenitale (verworven) toxoplasmose-gevallen circa 40 keer zo hoog (11.500 gevallen) is als het aantal congenitale gevallen

(300 gevallen) (Augustin et al., 2020). In Nederland is de verhouding 1:1,3. In Nederland gaat het bij de verworven toxoplasmose-gevallen echter alleen om de gevallen met chorioretinitis (ontsteking van vaat- en netvlies van het oog) en niet om het totaal aantal toxoplasmose-gevallen (Lagerweij et al., 2020). Dit maakt vergelijking lastig. Ook kent elk land zijn eigen blootstellingsdynamiek, bijvoorbeeld door eetgewoonten.

Er is voor de situatie in Nederland op basis van serologisch onderzoek wel een goed beeld van het aantal baby's dat met een *T. gondii*-besmetting wordt geboren. Ook is er op basis van serologisch onderzoek een goed beeld van het aantal volwassenen dat ooit is blootgesteld geweest aan *T. gondii*. Er is alleen onzekerheid over de mate waarin mensen die besmet zijn met *T. gondii* toxoplasmose ontwikkelen. Er zit dus een redelijke mate van onzekerheid in de geschatte incidentie van toxoplasmose-gevallen in Nederland.

Ziekteelastschattingen en bronattributie

De incidentieschatting van toxoplasmose in Nederland is gebaseerd op serologisch onderzoek wat tot overschatting van de werkelijke incidentie (nieuwe gevallen) kan leiden. Bij gebrek aan surveillance gegevens wordt uitgegaan van een stabiele incidentie. Ook is geen (goed) inzicht in de mate waarin de verschillende ziektesymptomen vóórkomen bij toxoplasma patiënten en dus in de ziekteelast. Geschat wordt dat in 2019 760 mensen (waarvan 334 gevallen van congenitale toxoplasmose) een *T. gondii*-infectie opliepen (waarvan er 12 overleden). De geschatte ziekteelast op basis van deze incidentie is 1.900 DALY (congenitale toxoplasmose: 1.600 DALY, verworven toxoplasmose: 290 DALY) en de kosten voor de samenleving € 15 miljoen (4% discontering) voor dat jaar (Lagerweij et al., 2020).

De ziekteelast van toxoplasmose verschilt voor zwangerschapsgerelateerde infecties (congenitale infectie) en infecties die niet zwangerschapsgerelateerd zijn (verworven infectie). Voor congenitale infecties werd in 2019 de ziekteelast per ziektegeval geschat op 5 DALY, voor verworven infecties op 0,7 DALY, waarbij dient te worden opgemerkt dat in deze ziekteelastschatting alleen het effect van chorioretinitis is meegenomen (Lagerweij et al., 2021) (Tabel 13.17).

Om te schatten welk aandeel van de ziektegevallen – en dus de ziekteelast – aan de verschillende blootstellingsroutes kan worden toegeschreven, wordt bronattributie gebruikt. Bronattributie op basis van expertelicitatie schat dat 53% (1.000 DALY) van de ziekteelast die door *T. gondii* wordt veroorzaakt aan voedsel wordt toegeschreven. Binnen deze 1.000 DALY aan voedsel geattribueerde ziekteelast van *T. gondii* is het aandeel van roodvlees (rund/lam, varken) afgerond 76% (760 DALY, 310 zieken) (Tabel 13.36). Specifiek aan roodvlees wordt 40% van de totale 1.900 DALY ziekteelast van *T. gondii* geattribueerd (Figuur 13.5). Grofwild vormt geen onderdeel binnen de uitgevoerde attributieschattingen. Van de totale aan roodvlees geattribueerde ziekteelast (1.600 DALY) wordt 47% aan *T. gondii* toegeschreven (Figuur 13.6), terwijl het aandeel ziektegevallen maar 0,2% bedraagt van het totaal aantal roodvlees-gerelateerde ziektegevallen (158.000 zieken) (Lagerweij et al., 2020).

Op basis van de bronattributiestudie van het ziekteelastschattingenmodel – wat voor deze pathogeen nog gebaseerd is op alleen (gedateerde) expertschattingen – is de inschatting dat varkensvlees binnen voedsel de belangrijkste (48%) blootstellingsroute vormt. Dit beeld komt niet overeen met later uitgevoerde bronattributiestudies. Daarin is berekend dat binnen de vleesgerelateerde infecties in Nederland rundvlees een veel groter aandeel heeft dan al het andere vlees (Opsteegh et al., 2011b; Deng et al., 2020). In de meest recente versie van de uitgevoerde kwantitatieve risicoschatting (QMRA) wordt geschat dat in Nederland het aandeel van rundvlees aan humane *T. gondii*-infecties 84% bedraagt, gevolgd door varkensvlees (12%), schapenvlees (4%), lamsvlees (0,2%), gemengde vleesproducten (0,1%) en kalfsvlees (0,01%). Rundvlees is, in tegenstelling tot schapenvlees, relatief weinig besmet, maar wordt vaker rauw of minder goed verhit geconsumeerd (vooral filet américain). Het geschatte aandeel van rundvlees in humane infecties is daarom hoog, waarbij alleen al de bijdrage van filet américain aan de totale blootstelling geschat wordt op 80%. Scenarioanalyse laat zien dat deze schatting sterk wordt beïnvloed door de parameters met betrekking tot het zout in het product. Hoewel op populatieniveau geschat wordt dat filet américain de belangrijkste bron van toxoplasmose is, wordt geschat dat per portie schapenbout de grootste kans op infectie geeft (Deng et al., 2020).

In een case-controle studie (Nederland, 2016-2021) naar risicofactoren voor het oplopen van toxoplasmose bleek in de univariate analyse consumptie van verschillende soorten rauw en niet-gaar vlees een risicofactor, net als rauw en niet-gare schaal- en schelpdieren. In de multivariate analyse (gecorrigeerd voor leeftijd, geslacht en zwangerschap) bleef alleen de consumptie van grofwild (hert, zwijn; OR (odds ratio) 8,2) en het soms of niet wassen van de handen voor het eten koken over (OR 4,1 respectievelijk 15,9). Onder andere door de beperkte omvang van de studie (44 cases, 43 controles) bleek het niet mogelijk alle relevante variabelen uit de univariate analyse in het multivariate model te includeren (Friesema et al., 2023).

Naast deze studie uit Nederland komt uit andere studies ook het belang van consumptie van rauw of niet gaar rundvlees, maar ook schapenvlees naar voren. De consumptie van rauw of niet gaar varkensvlees zou geen significante risicofactor zijn volgens een van de onderzoeken, maar in een ander wordt wel gedroogd/gefermenteerd of gerookt vlees als risicofactor genoemd (EFSA BIOHAZ Panel et al., 2018). Rauwe vleesproducten bevatten echter meestal toevoegingen zoals zout, lactaat en acetaat. Met name zouten blijkt veel invloed te hebben op het geschatte risico voor dergelijke vleesproducten (Deng et al., 2020; Vlaanderen et al., 2020; Dámek et al., 2023). Onduidelijk is nog hoe dit het risico precies beïnvloedt. Onderzoek op dit gebied is gaande, waarbij de ontwikkeling van een muis-vrije methode de eerste stap is (Opsteegh et al., 2020). In haar opinie over voedselgerelateerde parasieten schat EFSA dat 40-60% van de *T. gondii*-infecties voedselgerelateerd is, dat onvoldoende gegaard vlees een route is maar dat de bijdrage van deze route aan het totaal aantal infecties onbekend is (EFSA BIOHAZ Panel et al., 2018).

De ziekteelastschatting van toxoplasmose kent onder andere om genoemde redenen een grote mate van onzekerheid. Als de incidentie van congenitale toxoplasmose in Nederland inderdaad met factor 10 wordt overschat, heeft dit een groot effect op de ziekteelastschatting en daarmee in het belang dat *T. gondii* daar nu in heeft. Ook lijkt het op basis van een dalende trend in seroprevalentie mogelijk niet terecht dat in de ziekteelastschatting wordt uitgegaan van een stabiele incidentie in de tijd. Zowel aan de bronattributie als aan het meer inzicht krijgen in de incidentie wordt momenteel door het RIVM gewerkt (Vlaanderen et al., 2020).

Beheersmaatregelen

Het aantal mogelijkheden om het risico van *T. gondii* op boerderijniveau te beheersen is beperkt. Beheersmaatregelen gericht op het verminderen van de blootstelling van gehouden dieren aan *T. gondii* zijn ongediertebestrijding, het weren van katten op het bedrijf (maar ook bij de productie en opslag van diervoeder en strooisel), gebruik van schoon drinkwater (toegang tot oppervlaktewater voorkómen), binnenhuisvesting en geen slachtafval of rauwe wei van geiten voederen. Vaccinatie van varkens en schapen kan persisterende infectie in deze dieren verminderen (EFSA BIOHAZ Panel et al., 2018). Daarnaast zou vaccinatie van katten theoretisch effectief kunnen zijn om de zoönotische cirkel te onderbreken en uitscheiding van oöcysten in het milieu te voorkómen (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e).

Het verhogen van biosecurity is echter niet haalbaar in geval de dieren ook buiten lopen. Daarentegen heeft de manier waarop varkens worden gehouden in de intensieve veehouderij ertoe geleid dat de prevalentie van *T. gondii* bij varkens sterk is gedaald (EFSA BIOHAZ Panel et al., 2018). Het vaccineren van katten is geen realistische optie, omdat daarvoor een onrealistisch hoge vaccinatiegraad nodig zou zijn en daarnaast is er geen vaccin beschikbaar (EFSA BIOHAZ Panel, 2013e; EFSA BIOHAZ Panel et al., 2018).

De besmettingsroute van *T. gondii* via vlees kan relatief makkelijk beheerst worden door vlees volledig te garen of, in geval vlees (gedeeltelijk) rauw gegeten wordt, in te vriezen zodat weefselcysten in vlees worden gedood (EFSA BIOHAZ Panel et al., 2018). Met betrekking tot dit laatste aspect staat in de Hygiëncode voor het slagers- en poeliersbedrijf specifiek dat voor de productie van filet americain (ossensworst, tartaar en carpaccio staan hierbij niet genoemd) de grondstof gedurende minimaal twee dagen dient te worden ingevroren tot -12 °C of kouder (KNS, 2021). In de Hygiëncode voor de horeca staat deze voorwaarde genoemd voor de grondstoffen voor de bereiding van tartaar en carpaccio (KHN, 2016). Er zijn echter bedrijven die wel dit soort rauw te consumeren vleesbereidingen (inclusief carpaccio) produceren en niet met deze Hygiëncodes werken, onder andere de vleesverwerkende industrie. Om het risico voor de volksgezondheid met betrekking tot *T. gondii* nog verder te reduceren is

het zeer wenselijk dat ook deze bedrijven *T. gondii* opnemen in hun voedselveiligheidsplan (op basis van HACCP-analyse) als relevant (en dus te beheersen) gevaar.

Er is in Nederland onderzoek gedaan naar de baten (uitgedrukt in geld) van twee interventie maatregelen met betrekking tot *T. gondii*: invriezen van vlees dat rauw of niet-gaar wordt geconsumeerd en het verhogen van de biosecurity op varkensbedrijven. Vanuit volksgezondheid (minder toxoplasmose ziektegevallen) en sociaal perspectief (minder kosten voor de Nederland als geheel) is het verhogen van de biosecurity in de Nederlandse varkenshouderij minder kosteneffectief dan invriezen van vlees. Meer specifiek gaat het om invriezen van vlees bestemd voor de productie van filet americain en om schapenbout (Suijkerbuijk et al., 2019).

Wat betreft de blootstellingsroute via varkensvlees kan serologisch onderzoek in de primaire fase (veehouderijbedrijf) worden gebruikt om hoog-risico bedrijven op te sporen. Door vlees van dieren van deze hoog-risico bedrijven een behandeling te geven die *T. gondii* afdoort zou de blootstelling via varkensvlees verlaagd kunnen worden (EFSA BIOHAZ Panel et al., 2018). Ook zouden specifieke preventie maatregelen kunnen worden getroffen op die bedrijven. Onderzoek uit Nederland laat zien dat op varkensbedrijven de seroprevalentie kan worden verlaagd (dierniveau) door het castreren/steriliseren van (zwerf)katten en het afdekken van voer (Eppink et al., 2021).

Gezien het feit dat met name de ziektelast voor congenitale toxoplasmose hoog wordt ingeschat, is voorlichting aan de risicogroep (zwangeren) van belang. Via het Voedingscentrum en de huisarts/verloskundige wordt deze doelgroep reeds geadviseerd om risicoproducten (rauw vlees en rauwe vleeswaar) niet te consumeren, behalve na verhitting (NHG-werkgroep et al., 2012; Voedingscentrum).

13.4.7.3 Risicokarakterisatie

- *T. gondii* veroorzaakt in Nederland ziektegevallen en ziektelast. Geschat wordt dat het in 2019 760 ziektegevallen betrof, waarvan er 12 overleden. De totale ziektelast voor dat jaar wordt geschat op 1.900 DALY, waarvan het geschatte aandeel van voedsel 53% bedraagt; hiervan wordt 76% toegeschreven aan roodvlees.
- *T. gondii* komt bij alle landbouwhuisdieren uit de roodvleesketen en bij grofwild voor.
- De mens raakt besmet met *T. gondii* via consumptie van vlees met levende weefselcysten of door opname van oöcysten afkomstig van de kat (direct contact met kattenfeces of via tuinieren of besmette groenten).
- Antilichamen tegen *T. gondii* worden aangetroffen bij varkens, runderen, paarden, schapen, geiten, wild zwijn en hertachtigen. Bij dieren die buiten lopen is de seroprevalentie hoger. Ook neemt de seroprevalentie toe met de leeftijd.
- Serologische resultaten geven niet altijd een goede indicatie van de aan- of afwezigheid van weefselcysten van *T. gondii* in deze dieren.
- Er is ook geen routinematige methode beschikbaar voor het aantonen van levensvatbare cysten in vlees.
- Serologisch onderzoek kan wat betreft varkens wel toegepast worden om hoog-risico bedrijven op te sporen. De blootstelling via varkensvlees zou verlaagd kunnen worden door specifiek op deze bedrijven preventie maatregelen in te zetten of door vlees van dieren van deze hoog-risico bedrijven een behandeling te geven die *T. gondii* afdoort.
- De prevalentie van levensvatbare weefselcysten van *T. gondii* in vlees van rund wordt in Nederland geschat op 2%. Voor varkens, schapen, geiten, paarden, wilde zwijnen, hertachtigen en struisvogels zijn geen data beschikbaar.
- Het ontbreekt in de EU aan goed inzicht in het aantal toxoplasmose-gevallen en waardoor die worden veroorzaakt, ook in Nederland.
- Uitbraken veroorzaakt door *T. gondii* worden in de EU (en in Nederland) nauwelijks waargenomen, omdat de aandoening in de meeste gevallen mild verloopt, ernstigere symptomen pas later optreden en er geen meldplicht is.
- Congenitale toxoplasmose (opgelopen voor de geboorte) is een ernstige aandoening, maar directe attributie naar een bron (kat, omgeving, voedsel (vlees, groente)) is moeilijk door lange incubatietijd.

- De attributie van ziektelast van *T. gondii* aan de verschillende blootstellingsroutes kent een grote mate van onzekerheid. De onzekerheid zit in het schatten van de incidentie (ziektegevallen) op basis van serologisch onderzoek (besmettingen), in de mate waarin de verschillende ziektesymptomen optreden bij ziektegevallen (ziektelast) en in de bronattributie (expertschattingen versus QMRA).
- Bronattributie op basis van expertschatting (ziektelastmodel uit 2008) schat dat in Nederland roodvlees de belangrijkste voedselgerelateerde blootstellingsroute is van de mens (76% van de aan voedsel gerelateerde ziektelast). Varkensvlees is hierin een belangrijkere besmettingsroute (68%) dan vlees van lam en rund samen (32%). Er zijn geen schattingen van het individuele aandeel van rund- en lamsvlees van de ziektelast.
- Bronattributie op basis van een later uitgevoerde QMRA schrijft juist een veel groter belang toe aan rundvlees (84%) dan aan varkensvlees (12%), schapenvlees (4%), lamsvlees 0,2%), gemengde vleesproducten (0,1%) en kalfsvlees (0,01%).
- In deze QMRA is het belang van rundvlees ten opzichte van varkensvlees hoog ingeschat door de mate waarin dit rauw wordt gegeten. Onzeker hierin is de mate waarin *T. gondii* het bereidingsproces overleeft van rauw te consumeren vleesbereiding van rundvlees (effect van conservering (zout)). In gemalen varkensvlees lijkt tijdens de bereiding van gedroogde en/of gefermenteerde worst *T. gondii* snel (6-24 uur) te worden geïnactiveerd door toevoeging van zout (>1-2%).
- Lams- en geitenvlees vormen in Nederland op populatieniveau geen belangrijke blootstellingsroute, vanwege de beperkte consumptie. Ook wordt dit vlees in Nederland minder vaak rauw/niet-gaar gegeten. Consumptie van rauw/niet-gaar vlees van kleine herkauwers (met name schapen/lammeren) is echter wel een risicofactor voor het oplopen van een *T. gondii*-infectie.
- Vlees van paard vormt geen belangrijke blootstellingsroute, maar ook vlees van deze dieren kan een bron van toxoplasmose zijn.
- Vlees van wild zwijn en hert vormen een in Nederland een risicofactor voor het oplopen van toxoplasmose.
- Import van vers, niet bevroren vlees (met name rund, paard) uit Zuid-Amerika brengt een verhoogd risico met zich mee door de meer virulente *T. gondii*-stammen die daar circuleren. Maar ziektegevallen door deze typen zijn niet bekend in Nederland.
- Beheersing ligt met name bij het afdoden van weefselcysten tijdens de bereiding van vlees. Dit kan door vlees te verhitten tot minstens 67 °C of, indien vlees rauw/niet gaar wordt geconsumeerd (of als grondstof voor dergelijke producten wordt gebruikt) het vlees van te voren minstens 2 dagen in te vriezen bij een temperatuur van -12 °C of lager. Ook goede handhygiëne tijdens voedselbereiding lijkt bij de te dragen aan het voorkómen van een *T. gondii* infectie.
- Verdere reductie van het belang van varkensvlees in de ziektelast veroorzaakt door *T. gondii* lijkt mogelijk door het treffen van maatregelen op het primaire bedrijf (met name bij hoog-risicobedrijven).

T. gondii wordt beschouwd als relevant gevaar binnen de roodvleesketen voor vlees van varken, rund, schaap, geit, wild zwijn en hert. Voor vlees van struisvogels en paarden zijn er te weinig gegevens om hier een uitspraak over te doen. In Nederland is wat voedsel betreft op populatieniveau consumptie van rauw/niet gaar rundvlees de belangrijkste blootstellingsroute voor de mens. Per portie heeft consumptie van schapenvlees echter een grotere kans op het oplopen van een *T. gondii* besmetting. Daarnaast is consumptie van grofwild (hert, zwijn) een risicofactor.

Consumptie van roodvlees geeft een risico voor de volksgezondheid met betrekking tot *T. gondii*. De ernst van toxoplasmose wordt gecategoriseerd als heel hoog (>999 DALY/1.000 ziektegevallen). De blootstelling aan een hoeveelheid weefselcysten die relevant is voor de gezondheid wordt voor vlees van alle diersoorten ingeschat als laag (<2.000 cases per jaar).

13.4.8 Emerging pathogens

Een opduikend pathogeen of – met de veel gebruikte Engelse term - “emerging pathogen” hoort bij een “emerging risk”. Een “emerging risk” is een risico dat voortvloeit uit een nieuw geïdentificeerd gevaar waaraan een significante blootstelling kan plaatsvinden, of uit een onverwachte nieuwe of significante verhoogde blootstelling en/of verhoogde gevoeligheid voor een bekend gevaar (EFSA, 2022a). Het opduiken van een pathogeen kan zeer lokaal plaatsvinden maar ook, afhankelijk van de mate waarin verspreiding tot stand komt, tot een epidemie of zelfs pandemie leiden.

Het SARS-CoV-2, de veroorzaker van de COVID-19 pandemie, was bijvoorbeeld een *emerging pathogen* – een opduikend pathogeen. Dit virus is – net als andere *emerging pathogens* die in het verleden tot pandemieën hebben geleid – afkomstig uit het dierlijk reservoir. Dergelijke pandemie-veroorzakende *emerging pathogens* zijn (vaak) virussen, die, na hun sprong van dier naar mens, gemakkelijk van mens-op-mens werden overgedragen: Spaanse griep (1918; mogelijk varkensgriep), Aziatisch griep (1957; vogelgriepvirus), Hong Kong griep (1968; vogelgriepvirus) en Mexicaanse griep (2009; varkensgriep (NIVEL, 2022; Wikipedia, 2022)). Andere mogelijke besmettingsroutes van epidemieën en pandemieën zijn muggen (onder andere Dengue-virus, Rift Valley Fever virus, *Plasmodium* parasiet (malaria)), teken (Krim-Congo Hemorragische Koorts virus) of de mens (difterie, polio, cholera (indirect via fecaal besmet water)) (RIVM, 2007b;2011a;2019d;2019a;2021c;2021a;2022a; WHO, 2022a).

Een *emerging pathogen* hoeft geen totale onbekende te zijn, maar kan een pathogeen zijn die zich heeft aangepast en zich daardoor makkelijker verspreidt, of een ernstiger ziektebeeld veroorzaakt dan tot nog toe bekend (Simpson et al., 2020). Een *emerging risk* kan ook ontstaan doordat bekende pathogenen zich vestigen in een nieuw gebied omdat de omstandigheden veranderen, bijvoorbeeld als gevolg van klimatologische veranderingen of intensivering van de veeteelt.

Een voorbeeld van deze laatste factor is de Q-koorts uitbraak die tussen 2007-2010 in Nederland plaatsvond. Bron van besmetting waren in dit geval geiten. Q-koorts is een bekend pathogeen, maar door het toenemen en intensiveren van de geitenhouderij (verandering van de situatie) kon een hogere infectiedruk ontstaan wat resulteerde in een uitbraak in de menselijke populatie (Schneeberger et al., 2014). Q-koorts is een respiratoire infectie die wordt veroorzaakt door *Coxiella burnetii*. De verspreiding vindt plaats via de lucht (omgeving) en via direct contact met besmette dieren door inhalatie van aërosolen waarin de bacterie aanwezig is (Pexara et al., 2018).

Voedsel is tot nu toe geen route die betrokken was in een pandemie. Wel kunnen door voedsel uitbraken plaatsvinden waarin veel mensen – ook gedurende een langere periode en over een groter geografisch gebied – ziek worden. Als de bron echter is achterhaald, en mens-tot-mens transmissie beperkt blijft, is beheersing mogelijk (onder andere product van de markt, aanpassen productieproces en/of proceshygiëne, volledig garen van het levensmiddel). Voedsel kan wel een route zijn voor een *emerging pathogen*. Pathogenen die uit de expert-sessie naar voren kwamen als mogelijk voedseloverdraagbare *emerging pathogen* vanuit de roodvlees- en grofwildketen zijn boviene leukose virus, *Taenia* spp. en prionen.

13.4.8.1 Boviene leukose virus

Gevarenkarakterisatie

Boviene leukose virus (BLV) behoort tot de familie *Retroviridae*, genus *Deltaretrovirus*. Het virus bestaat uit structurele en regulerende genen en wordt onderverdeeld in 10 genotypen (Rodriguez et al., 2009; Yang et al., 2016).

Retrovirussen vergroten vaak de kans op kanker. BLV veroorzaakt runderleukose (enzoötische boviene leukose (EBL)) bij runderen. Een eenmaal geïnfecteerd dier is levenslang drager van het virus (WUR, 2022).

Tot op heden is de algemene veronderstelling dat dit virus ongevaarlijk is voor de mens (WOAH, 2018; GD, 2020; WUR, 2022). Recent onderzoek laat echter zien dat BLV ook in mensen is aangetoond en dat er een mogelijke relatie is met een zoönotische infectie met mogelijk kanker tot gevolg (Olaya-Galán et al., 2017). BLV is daarmee een mogelijk *emerging pathogen* voor de mens.

BLV is aangetroffen in humane borsttumoren (Buehring et al., 2014; Canova et al., 2021) en recent ook in humaan bloed (Buehring et al., 2019). Onderzoek uit Australië laat zien dat BLV al drie tot 10 jaar voorafgaand aan de diagnose borstkanker waargenomen kan worden in goedaardig borstweefsel, wat de hypothese ondersteunt dat BLV een infectie kan veroorzaken die tot de ontwikkeling van kanker leidt. Op basis van deze bevindingen geven Lawson & Glenn (2021) aan dat het aannemelijk is dat BLV een causale rol speelt in ontwikkelen van borstkanker bij de mens, maar dat meer bewijs nodig is voordat deze conclusie getrokken kan worden.

BLV is behalve in Australië, ook aangetroffen in humane borsttumoren in Argentinië, Colombia en Brazilië, echter niet in Europa of China. Hoewel hierbij discussie over de gebruikte detectiemethode mogelijk is (Lawson & Glenn, 2021), hangt dit zeer waarschijnlijk ook samen met de aanwezigheid van BLV in de veestapel.

Blootstellingsschatting

Besmettingsroutes van de mens

De besmettingsroute naar de mens is onzeker, er wordt gesuggereerd dat dit via levensmiddelen (vlees) (Lawson & Glenn, 2021), contact met dieren of gebruik van besmette rundersera voor vaccins verloopt (Olaya-Galán et al., 2017). Epidemiologisch wordt borstkanker vaker gezien in populaties met hoge roodvleesconsumptie. Dit ondersteunt de hypothese dat BLV overdraagbaar is van runderen naar mensen via de consumptie van roodvlees (Lawson & Glenn, 2021).

Aantreffen in de keten

Net als in Australië, komt in Argentinië, Colombia en Brazilië EBL voor in de veestapel, terwijl in een groot deel van Europa deze ziekte niet (meer) vóórkomt. Met name in Oost-Europa en delen van Zuid-Europa wordt EBL nog waargenomen (WOAH-WAHIS, 2020). Nederland heeft sinds 1999 een officiële vrij-status van bovine leukose (GD, 2020). EBL is in Nederland melding- en bestrijdingsplichtig (op basis van voormalige Gwwd).

BLV kan echter meekomen met vlees dat geïmporteerd wordt uit landen waar EBL vóórkomt. Vers gekoeld rundvlees dat via Nederland de EU wordt binnen gebracht komt vooral uit Argentinië, Uruguay, Australië, Brazilië en VS. In deze landen komt BLV voor in de runderstapel (WOAH-WAHIS, 2020; USDA-APHIS, 2021; NSW-DPI, 2022). In Australië is het melkvee echter vrij van dit virus, mogelijk dat bij vleesvee het virus nog laag prevalent vóórkomt (NSW-DPI, 2022). Dit vers gekoelde vlees is vlees van hoogwaardige kwaliteit (onder andere biefstuk), waarbij het aannemelijk is dat dit deels rauw of niet goed verhit wordt geconsumeerd.

Beheersmaatregelen

Nederland heeft een runderleukose vrije status en bewaking hiervan gebeurt via tankmelkonderzoek, bloedonderzoek bij niet-melk leverende bedrijven, slachtlijnbeveiliging gericht op tumoren bij dieren die ouder zijn dan twee jaar en voor geïmporteerde dieren controle op gezondheidscertificaten. Slachtrunderen met leukose worden afgekeurd voor consumptie (GD, 2020).

Risicokarakterisatie

Bovine leukose virus is een virus dat vóórkomt bij runderen. Nederland en grote delen van Europa zijn echter vrij van dit virus. Wel komt het virus voor in sommige delen van Europa en ook in landen waar vandaan vers rundvlees van hoogwaardige kwaliteit via Nederland wordt geïmporteerd. BLV lijkt te worden geassocieerd met borstkanker bij de mens. Het is nog onduidelijk hoe de mens besmet raakt en dus of vlees daarin een rol speelt. Het is van belang onderzoek op dit gebied te blijven volgen.

Op dit moment wordt bovine leukose virus niet beoordeeld als relevant gevaar via de consumptie van roodvlees (rund).

13.4.8.2 Taenia solium

Taenia solium is als *emerging pathogen* meegenomen in deze risicobeoordeling, omdat een van de factoren die een rol spelen voor het in stand houden van een cyclus van deze parasiet is dat varkens buiten worden gehouden. Deze vorm van veehouderij lijkt steeds meer in trek te zijn in Nederland.

Gevarenkarakterisatie

Taenia spp. zijn parasieten die behoren tot de cestoden (lintwormen). *Taenia* spp. hebben twee verschijningsvormen: de larvale cysteuze, blaasachtige vorm (cysticercus) van enkele mm tot cm groot in de tussengastheer en de lange, gesegmenteerde parasitaire lintwormen in de eindgastheer waar deze wel 4 tot 10 meter lang kunnen worden. Grote lintwormen die bij de mens kunnen vóórkomen zijn *Taenia*

saginata (runderlintworm) en *Taenia solium* (varkenslintworm) (RIVM, 2019b). De mens is de enige eindgastheer van zowel *T. saginata* als *T. solium*. Voor *T. solium* kan de mens ook als tussengastheer fungeren, voor *T. saginata* niet (RIVM, 2019b).

In de eindgastheer ontwikkelen de ingenomen cysticerci zich in de darm tot volwassen lintwormen. Als eindgastheer scheidt de mens vervolgens de eitjes van deze volwassen lintwormen uit via de segmenten van de lintworm. Volwassen lintwormen leven in de darm en veroorzaken voor de mens weinig klachten (RIVM, 2019b). De aandoening wordt taeniose genoemd en is niet de aandoening die van belang is voor deze risicobeoordeling.

De gezondheidseffecten die optreden als de mens tussengastheer is, zijn namelijk ernstiger. Deze aandoening wordt cysticercose genoemd en is alleen voor *T. solium* relevant. Een tussengastheer raakt besmet via inname van eitjes. Deze ontwikkelen zich in de tussengastheer tot blaasworm (cysticercus) en kunnen klinische klachten geven. Alle verschijnselen en de ernst zijn afhankelijk van de hoeveelheid cysticerci, de plaats, de vorm en de grootte (RIVM, 2019b).

Blootstellingsschatting

Besmettingsroutes van de mens

De mens raakt als eindgastheer besmet via een tussengastheer. In het geval van *T. solium* door het eten van rauw of niet goed verhit vlees van een besmet varken of wild zwijn. Als tussengastheer raakt de mens besmet via door de mens uitgescheiden eitjes die op voedsel terecht zijn gekomen (bijvoorbeeld groenten, maar eventueel ook vlees) of direct door de eitjes die door een besmet persoon, waaronder zichzelf (fecaal-orale route) worden uitgescheiden (RIVM, 2019b).

Aantreffen in de keten

Taenia solium heeft het varken en wild zwijn als tussengastheer (varkenslintworm). Dieren worden geïnfecteerd met eitjes via humane feces. In het dier komen larven uit de eitjes die zich nestelen in de spieren. Hier worden kleine blaasjes (cysticerci) gevormd. Bij het dier treden soms slechts vage, weinig specifieke klachten op als gevolg van de plaats en grootte van de cysteuzen, blaasachtige vorm (RIVM, 2019b). Indien een dier hoog besmet is, is dit met PM-keuring op het slachthuis waar te nemen. Het dier wordt dan afgekeurd.

In Nederland komt *T. solium* niet voor bij varkens en de mens. Dit komt enerzijds door de goede biosecurity maatregelen in de varkenssector en de vleeskeuring. Varkens worden veelal onder gecontroleerde omstandigheden binnen gehouden, waardoor varkens niet geïnfecteerd raken. En bij de vleeskeuring wordt gecontroleerd op porcine cysticercose. Anderzijds heeft Nederland een hoge algemene sanitaire standaard, waarbij menselijke uitwerpselen via het riool worden afgevoerd (rioolwaterzuivering).

T. solium kan ook bij wilde zwijnen vóórkomen. Zij spelen echter een minder belangrijke rol in de cyclus, omdat de afstand tot de mens – en dus de kans om via de mens besmet te raken – minder groot is dan bij gedomesticeerde varkens (CFSPH, 2020). In Nederland komt *T. solium* echter niet voor en raken wilde zwijnen dan ook niet besmet met *T. solium* eitjes afkomstig van besmette autochtone mensen.

De WHO heeft in 2015 een geüpdatete wereldkaart gemaakt over de endemische status van landen met betrekking tot *T. solium* (Donadeu et al., 2016). Hieruit blijkt dat *T. solium* endemisch vóórkomt in een aantal landen in het oosten van Europa (Bosnië en Herzegovina, Montenegro, Servië, Kosovo en Roemenië). Van de omringende landen (grotendeels Polen, Oostenrijk en alle landen ten oosten en zuiden daarvan – uitgezonderd Bulgarije en Slovenië die niet-endemisch zijn; plus Spanje) zijn of geen data beschikbaar, of lijkt het mogelijk dat een volledige cyclus van *T. solium* bestaat, maar dat het om een beperkt aantal varkens gaat die blootgesteld zijn aan risicofactoren (Donadeu et al., 2016).

In een QMRA-studie is voor een aantal EU-lidstaten gekeken naar de kans op infectie met *T. solium* na consumptie van varkensvlees afkomstig van varkens die gehouden zijn onder *controlled housing* of onder *non-controlled housing*. Hieruit blijkt dat porcine cysticercose vóórkomt in de EU (onder andere Bulgarije,

Duitsland, Oostenrijk, Polen, Roemenië en Spanje) en dat deze parasiet aanwezig is in varkensvlees verkrijgbaar op de EU markt, zowel van dieren die gehouden zijn onder *controlled housing* als onder *non-controlled housing*. Er is dus een kans dat in de EU mensen besmet raken met *T. solium* door consumptie van varkensvlees (Meester et al., 2019).

In Nederland zou een volledige cyclus van *T. solium* kunnen ontstaan door invoer / import van besmette varkens of door migratie van wilde zwijnen. Om de cyclus in Nederland te beginnen is vervolgens eerst besmetting van de mens nodig, door consumptie van vlees van deze besmette dieren. Ook kan een persoon de infectie in het buitenland oplopen en mee naar Nederland nemen. Pas daarna kan de mens als eindgastheer eitjes uitscheiden en een mogelijke cyclus starten in Nederland. Risicofactoren voor transmissie, zoals het ontbreken van wc's die op het riool zijn aangesloten, lage economische status, laag niveau van goede sanitaire voorzieningen en lage standaard van persoonlijke hygiëne, ontbreken hier echter. Theoretisch gezien zou het mogelijk kunnen zijn dat varkens besmet kunnen raken als een drager van *T. solium* op een varkensbedrijf werkt en dat bij gebrek aan hygiëne een cyclus tot stand komt.

Ziektegevallen en ziektelast

Taeniose veroorzaakt door *T. solium* komt niet endemisch voor in Nederland. Van *T. solium*-cysticercose zijn alleen importgevallen bekend (Brouwer et al., 1995; Ang et al., 2006; UMC Utrecht, 2022). Door toenemende mobiliteit van de mens (immigratie, reizen) neemt het aantal gevallen van cysticercose wel toe (Ang et al., 2006). De ziektelast verschilt per mondiale regio en is gemiddeld 7,5 DALY per ziektegeval (wereldwijd) (WHO, 2015).

Beheersmaatregelen

Door de gemoderniseerde varkenshouderij met hoge bioveiligheidsstatus en door de vleeskeuring en komt *T. solium* niet meer voor bij varkens in Nederland. Invoer/import van levende varkens vindt alleen plaats vanaf gemoderniseerde bedrijven met goede biosecurity en niet van de kleine risicobedrijven op de Balkan. Ook draagt het afwezig zijn van risicofactoren (onder andere slechte sanitaire voorzieningen en slechte persoonlijke hygiëne, lage economische status) bij aan het voorkómen van het in stand houden van een inheemse cyclus. De mens zelf wordt echter als belangrijker introductieroute beschouwd (immigratie, reizen) dan de route van invoer van besmette varkens of wilde zwijnen (EC, 2000). De toenemende trend waarbij varkens meer buiten komen (CBS StatLine, 2022), kan dan een mogelijke risicofactor zijn.

Risicokarakterisatie

Taenia solium kan via de roodvleesketen bij de mens terecht komen, namelijk via consumptie van niet of onvoldoende gegaard besmet vlees van varkens en wilde zwijnen. In Nederland komt *T. solium* echter endemisch niet voor, de waargenomen ziektegevallen van cysticercose worden in het buitenland opgelopen. Wel komt porcine cysticercose voor bij varkens in de EU. Het risico van *T. solium* via consumptie van vlees van varkens of wild zwijn in Nederland wordt op dit moment als verwaarloosbaar (maar niet onmogelijk) in geschat op basis van kans (zeer klein).

Migranten uit landen waar *T. solium* endemisch is (dragerschap) lijken de grootste risicofactor voor introductie van de parasiet in Nederland. *T. solium* zou ook via import van besmet vlees of dieren uit endemische landen of door migratie van wilde zwijnen zijn intrede in Nederland kunnen doen. Beide lijken op dit moment erg onwaarschijnlijk. Invoer/import vindt alleen plaats van bedrijven met goede biosecurity en in de ons omringende landen – die zelf wel grenzen aan landen met een eventueel mogelijke volledige cyclus – komt *T. solium* endemisch niet voor. Er zit dus nog een grote afstand tussen Nederland en besmette wilde zwijnen. Daarnaast zijn wilde zwijnen een minder belangrijk reservoir. De mens (importgeval: iemand die de infectie in het buitenland oploopt) is de belangrijkste introductieroute. Ook belangrijke factoren die zorgen voor het in stand houden van een inheemse cyclus ontbreken grotendeels in Nederland, zelfs in het geval dat varkens meer buiten worden gehouden. Het risico van *T. solium* als *emerging pathogen* via de roodvlees- of grofwildketen wordt daarom op dit moment beoordeeld als verwaarloosbaar.

13.4.8.3 Prionen

Prionen zijn als *emerging pathogen* in deze risicobeoordeling meegenomen, omdat sinds 2021 de Feed Ban (wetgeving met betrekking tot dierlijke eiwitten in diervoeder) is versoepeld. Deze wetgeving was effectief in het stoppen van de BSE-uitbraak bij koeien en de daaruit voortkomende ziektegevallen bij de mens. Een ontwikkeling die, mede in het licht van deze versoepeling, mogelijk invloed heeft op het vóórkomen van prionen in de keten is die van de circulaire landbouw (hergebruik van reststromen). Daarnaast is in 2016 chronic wasting disease (CWD, een prionziekte) geconstateerd bij grofwild in Noorwegen (Benestad et al., 2016).

Gevarenkarakterisatie

Prionen zijn geen bacteriën, parasieten of virussen, maar infectieuze eiwitten die door cellen van zoogdieren gemaakt worden. Prionen zijn eiwitten die normaal in het lichaam vóórkomen. De aanmaak en de eigenschappen van dit normaal vóórkomend prioneiwit wordt bepaald door het PrP-gen. Prionen veroorzaken prionziekten, in het Engels *Transmissible Spongiform Encephalopathies* (TSE's) genoemd. Onder landbouwhuisdieren zijn natuurlijk vóórkomende TSE's alleen aangetoond bij herkauwende dieren: bij runderen gaat het om boviene spongiforme encefalopathie (BSE), bij schapen en geiten om scrapie en bij hertachtigen om CWD, ook wel bekend als 'elk disease'.

Het BSE-prion is voor zover bekend het enige prion dat zoönotisch overgedragen kan worden naar de mens (Bruce et al., 1997; Prusiner, 1998; Scott et al., 1999; EFSA BIOHAZ Panel, 2011a;2015). Het BSE-prion is de veroorzaker van variant Creutzfeldt-Jacob Disease (vCJD) bij mensen. Aangenomen wordt dat ongeveer 10 jaar nodig is van moment van infectie tot het moment dat ziekteverschijnselen optreden bij de mens. Na gemiddeld twaalf tot veertien maanden overlijdt de patiënt (RIVM LCI, 2007a). Er is geen behandeling mogelijk.

Het is niet bekend hoeveel prionen of hoeveel weefsel van BSE-geïnfecteerde runderen nodig is om ziekte bij de mens te veroorzaken. Bij runderen is één microgram hersenweefsel van een BSE-geïnfecteerd rund voldoende om een gezond rund te infecteren. Vanwege de soortbarrière, waardoor transmissie minder efficiënt zal verlopen, zal een hogere hoeveelheid nodig zijn om de mens te infecteren (US FDA, 2012). De soortbarrière tussen rund en mens wordt door EFSA geschat op 4.000, waarbij 1 gelijk is aan 'geen soortbarrière' (EFSA, 2006).

Prionen vermenigvuldigen zich niet in de voedselketen.

Blootstellingsschatting

Besmettingsroutes van de mens

Er zijn verschillende varianten van prionziekten bij mensen, echter, alleen de variant Creutzfeldt-Jacob Disease (vCJD) wordt via voedsel overgedragen. Dit gebeurt door consumptie van vleesproducten van met BSE besmette runderen dat bij de mens ziekte (vCJD) veroorzaakt (Bruce et al., 1997; Prusiner, 1998; Scott et al., 1999).

Scrapie wordt niet als zoönotisch beschouwd. Onder experimentele omstandigheden lijkt scrapie mogelijk zoönotisch potentieel te hebben (Cassard et al., 2014), maar na review van dit onderzoek blijft EFSA bij het standpunt dat er geen wetenschappelijk bewijs dat deze prionziekte bij schapen een gevaar vormt voor de mens onder natuurlijke omstandigheden. Er is echter ook geen bewijs dat er absoluut geen overdracht mogelijk is (EFSA BIOHAZ Panel, 2015).

Ook van CWD zijn geen aanwijzingen dat deze prionziekte bij hertachtigen een gevaar vormt voor de mens. Er zijn voor zover bekend geen humane ziektegevallen die geassocieerd worden met (contact met) hertachtigen. Dit zowel op basis van de recente CWD-epidemie in Noorwegen (Benestad et al., 2016; Pirisinu et al., 2018), alsook de oudere epidemie die startte in 1960 (bevestigd in 1980) in Noord-Amerika waarna CWD daar endemisch is geworden (Houston & Andréoletti, 2019). Een recente opinie beschrijft dat, op basis van nog niet gepubliceerd onderzoek, CWD in een experimentele setting (via orale toediening) de barrière naar makaken zou kunnen doorbreken (Osterholm et al., 2019; Pearson, 2020;

CDC). Als dit inderdaad het geval is, dan is de kans aanwezig dat CWD ook de humane barrière zou kunnen doorbreken, wat grote consequenties zal hebben voor de humane gezondheid. Daarbij lijken de prionsoorten die in Europa vóórkomen anders te zijn dan die in Noord-Amerika CWD bij hertachtigen veroorzaken (EFSA BIOHAZ Panel, 2019). Op dit moment beoordelen de Noorse autoriteiten het zoönotisch risico van CWD als erg laag (zeer zeldzaam, maar niet verwaarloosbaar) (Vikøren, 2017). EFSA geeft aan dat met dierstudies in gehumaniseerde muizen en makaken de gevoeligheid bij mensen nog niet is aangetoond en dat epidemiologisch bewijs voor ziekte bij mensen op dit moment nog ontbreekt (EFSA BIOHAZ Panel, 2019; EFSA, 2021a).

[Aantreffen in de keten](#)

Bij dieren uit de roodvlees- en grofwildketen zijn TSE's tot nu toe alleen aangetoond bij herkauwers (rund, schaap, geit en hertachtigen).

Varken

TSE's komen van nature, voor zover bekend, niet voor bij varkens. Experimenteel lijkt overdracht van BSE naar varkens wel mogelijk, weliswaar via injectie en niet zozeer via de orale route (Wells et al., 2003). Na experimentele toediening (oraal en via de schedel) van scrapie bleken varkens na 51 maanden positief, waarmee varken een mogelijke gastheer lijkt mits deze oud genoeg wordt (Greenlee et al., 2016). In Nederland is de slachtleeftijd van vleesvarkens over het algemeen ongeveer 6-8 maanden, van zoekberen en zeugen ongeveer 2 jaar (zie hoofdstuk 3).

Rund

Het BSE-prion veroorzaakt bij runderen een encefalopathie die gekkekoeienziekte genoemd wordt. De TSE geeft afwijkend gedrag, bewegingsstoornissen en uiteindelijk sterfte. Uitbraken van BSE werden veroorzaakt door het voeren van runderen met diermeel afkomstig van met BSE-geïnfecteerde dieren, wat geleid heeft tot de Feed Ban (Nathanson et al., 1997; Taylor & Woodgate, 1997). Hierdoor werd het voeren van diermeel van herkauwers aan landbouwhuisdieren verboden.

Sinds de invoering van de Feed Ban, is de blootstelling van runderen aan BSE-prionen geminimaliseerd. Grondige surveillance laat zien dat in de periode 2017-2019 geen gevallen van klassieke BSE gerapporteerd zijn in de EU (EFSA, 2020c). Toch worden zo af en toe nog gevallen van BSE ontdekt, waarvan de meest recente in Nederland in 2023 en in Duitsland en het Verenigd Koninkrijk in september 2021 (WOAH-WAHIS, 2020). Dit betreft meestal gevallen van 'atypische' BSE waarvan de bron niet bekend is.

In Nederland zijn in de periode 1997-2019 in totaal 88 gevallen van BSE vastgesteld bij Nederlandse runderen. Het laatste geval dateert van 2023 en daarvoor van 2010. Voor Nederland gold in 2019 de meest gunstige risicostatus volgens de WOAH en de EU; een verwaarloosbaar BSE-risico (Vlaanderen et al., 2020).

Kleine herkauwers

Scrapie is een besmettelijke TSE die bij schapen al sinds 300 jaar vóórkomt in delen van Europa. Scrapie komt ook voor bij geiten. De naam scrapie is afgeleid van één van de verschijnselen. Zieke dieren schrapen (Engels: *to scrape*) dwangmatig hun huid tegen hekken of andere vaste objecten. Scrapie uit zich als afwijkend gedrag, jeuk, schuren, neurologische verschijnselen (trillingen aan de kop; schrikgedrag) vermagering en sterfte (100%).

Vanwege het mogelijk zoönotisch potentieel vindt in de EU verplichte monitoring plaats. Ondanks de Feed Ban komt in de EU scrapie bij schapen en geiten nog steeds voor, mogelijk door verspreiding via het milieu (Quinn et al., 2011). In Nederland bestaat sinds 1998 een actief bestrijdingsprogramma bij schapen, waarbij wordt geselecteerd op genetische ongevoeligheid (GD, 2022a). Voor Nederland zijn over de periode 2015-2021 geen bevestigde gevallen gerapporteerd in de jaarlijks ongeveer 1.500 geteste kuddes (EFSA, 2015a;2016b;2017a;2018b;2019c;2020c;2021a). Bij geiten werd scrapie voor het eerst in 2000 vastgesteld op één bedrijf in Nederland. Na ruiming van de dieren is in Nederland nooit meer scrapie bij geiten aangetoond (GD, 2022b).

Paarden

TSEs komen, voor zover bekend, niet voor bij paarden (Won et al., 2019). Paarden lijken ongevoelig voor prionziekten (Zhang, 2011).

Wild zwijn

Wilde zwijnen zijn, evenals varkens, voor zover bekend niet gevoelig voor prionziekten (Lipp et al., 2004).

Hertachtigen

De prionziekte CWD is een TSE die van nature vóórkomt bij Noord-Amerikaanse hertachtigen. In vrije elanden in Noorwegen is in 2016 CWD geconstateerd, waarvan niet duidelijk is of deze gevallen te relateren zijn aan de epidemie in Noord-Amerika (Houston & Andréoletti, 2019). Ondanks dat de hele populatie elanden in het betreffende gebied in Noorwegen was afgeschoten, worden tot in 2021 nog gevallen van CWD waargenomen in Noorwegen (Tranulis et al., 2021). De robuustheid van het prion maakt dat CWD makkelijk van dier-op-dier (via omgeving) wordt overgedragen. Naar aanleiding van de gevallen in Noorwegen is de monitoring in Zweden en Finland aangescherpt en zijn ook daar enkele gevallen waargenomen (Tranulis et al., 2021).

Ziektegevallen en ziektelast

Ziektegevallen en uitbraken

In Nederland is het laatste ziektegeval van vCJD waargenomen in 2008. In Europa zijn over de periode 2015-2021 4 gevallen gerapporteerd, namelijk in Frankrijk (2 gevallen; 2018, 2021), Italië (1 in 2016) en Verenigd Koninkrijk (1 in 2016) (ECDC, 2022a). Of na ingaan van de Feed Ban toch blootstelling aan BSE (via rundvlees of andere routes) heeft kunnen plaatsvinden, of dat er verschil is in gevoeligheid en ziektegevallen pas laat na blootstelling optreden, wordt onderzocht (Verity et al., 2019; Kanguru et al., 2022).

Het PrP-gen speelt een rol in het fokprogramma met betrekking tot het resistent maken van de populatie schapen in Nederland (GD, 2022b). Bij de mens blijkt ook verschil in genetische opmaak te zitten wat betreft dit gen, waarbij genotypen binnen dit gen verschillen in gevoeligheid. Er is een populatie met een genotype waarbij ziekte pas later optreedt (Requena et al., 2016).

Ziektelastschattingen en bronattributie

De ziektelast wordt geschat op 35,81 DALY per infectie (van Lier et al., 2016). In Nederland kwamen in de periode 2015-2019 geen ziektegevallen van vCJD voor. De ziektelast over deze periode is derhalve 0 DALY.

Beheersmaatregelen

TSE surveillance bij voor de roodvleesketen relevante diergroepen (runderen, geiten, schapen, hertachtigen) vindt in Europa plaats volgens Verordening (EC) 999/2001, waarbij ook geïmporteerde gevallen worden gemeld. In Nederland zijn BSE en scrapie aangifte- en bestrijdingsplichtige ziekten en humaan (vCJD) geldt een meldingsplicht (Wpg) (Tabel 13.37).

Om te voorkómen dat mensen met BSE besmet raken via consumptie van vlees van dieren die voor TSEs gevoelig zijn, zijn via wetgeving beheersmaatregelen ingevoerd (Verordening EG nr. 1069/2009, Beschikking 97/534/EG).

BSE heeft geleid tot de Feed Ban waarmee het voeren van dieren met dierlijke eiwitten drastisch is ingeperkt. Specifiek risicomateriaal (SRM) mag niet in diervoeder voor landbouwhuisdieren worden verwerkt. Sinds 2021 is het toegestaan varkens te voederen met kippen-eiwit en kippen met varkens-eiwit, weliswaar alleen als verwerkte dierlijke eiwitten. Van groot belang is hierbij de voorwaarde dat dierlijke eiwitstromen gescheiden blijven (zodat ze zuiver blijven) en het voeder geen andere dierlijke eiwitten bevat. Wel mogen deze dieren met insecten worden gevoerd.

Prionen zijn extreem resistent voor standaard inactivatiemethoden zoals hitte, straling en chemicaliën (Sakudo et al., 2011). Zelfs verhitting tot 133 °C gedurende 20 minuten bij een druk van 3 bar, de meest stringente verwerkingsmethode die de EU-wetgeving verplicht voor verwerkte dierlijke eiwitten (Verordening (EG) Nr. 142/2011, bijlage IV, Hoofdstuk III), inactieveert slechts 2 log (RIVM, 2007a) (BuRO, 2020).

Bij de versoepeling van de Feed Ban is dan ook een belangrijke voorwaarde dat dierlijke eiwitstromen zuiver blijven. Het bestaan van slachthuizen waar verschillende diersoorten geslacht worden en de opkomst van circulaire landbouw maakt het scheiden van dierlijke eiwitbronnen in de keten echter complex. Bij het ingaan van de Feed Ban van 1997 waren er eveneens strikte voorwaarden verbonden aan de diervoederproductie. Toch werd diervoeder als meest waarschijnlijke route gezien voor de BSE gevallen die na 1997 geboren waren. Als mechanisme beschrijft EFSA persistentie in de omgeving, vooral daar waar voorheen infectieus materiaal werd bewaard. Dit geeft aan dat, ondanks strikte veiligheidsmaatregelen, persistentie en transmissie niet kan worden uitgesloten in complexe ketens, maar wel gemist kan worden in monitoringsprogramma's (EFSA BIOHAZ Panel, 2017b).

Ook vanuit het perspectief van circulariteit en recycling is de resistentie van prionen tegen inactivatiemethoden relevant. Met hergebruik van dierlijke eiwitten is het denkbaar dat, al dan niet via een tussenstap, de soortbarrière ontbreekt (intraspecies recycling, kannibalisme) waarmee accumulatie van prionen binnen een soort mogelijk wordt. De kans op het ontstaan van prionziekten door intraspecies recycling is het grootst bij herkauwende landbouwhuisdieren, maar ook intraspecies recycling bij niet-herkauwende diersoorten zou (in theorie) kunnen leiden tot accumulatie van tot nu toe nog onbekende prionen in een dierpopulatie. Er is wel onzekerheid over de kans dat dit kan optreden. Deze is afhankelijk van de levensduur van de bevatelijk diersoorten, infectiviteit van de prionen en de hoeveelheid infectieus materiaal dat teruggevoerd wordt in een dierpopulatie. De incubatietijd van prionziekten is lang, waardoor een eventuele besmetting in de populatie pas laat wordt opgemerkt (BuRO, 2020).

Risicokarakterisatie

Bij dieren uit de roodvlees- en grofwildketen komen prionziekten voor: BSE (rund), scrapie (schaap, geit), CWD (hertachtigen). Alleen van BSE staat vast dat deze prionziekte via consumptie van rundvlees bij de mens tot ziekte leidt (vCJD). Dit is een ernstige aandoening, zonder kans op genezing en met de dood tot gevolg.

Sinds invoer van wetgeving om ziekteverspreiding tussen dieren via voer (Feed Ban) en van dier naar mens (SRM, separatorvlees) te voorkómen, is de humane blootstelling aan BSE-prionen geminimaliseerd. Het laatste ziektegeval bij runderen in Nederland is geconstateerd in 2023 (atypisch geval) en daarvoor in 2010.

Op dit moment wordt het risico van prionziekte in Nederland veroorzaakt door consumptie van rundvlees ingeschat als verwaarloosbaar vanwege kans (nagenoeg afwezig) en effect (ernstig).

Er is geen aanwijzing dat scrapie onder normale omstandigheden tot infectie van de mens leidt. Scrapie vormt derhalve geen risico voor de mens. Ook van CWD is het op dit moment niet aannemelijk dat er overdracht naar de mens plaatsvindt. Omdat CWD niet vóórkomt bij hertachtigen in Nederland, wordt het risico van deze prionziekte in Nederland via consumptie van vlees van hertachtigen als verwaarloosbaar ingeschat, vanwege kans (afwezig) en effect (onbekend).

Prionen zijn op dit moment niet bekend als een gevaar dat vóórkomt bij varkens. Goede surveillance blijft belangrijk, zeker wanneer de slachtleeftijd hoger wordt, waarbij een hypothese is dat circulaire landbouw tot indirect kannibalisme kan leiden en daarmee de kans op (nu nog onbekende) prionziekten toeneemt en daarmee het risico.

13.5 Referenties

- a Mpalang RK, Boreux R, Melin P, Akir Ni Bitiang KM, Daube G & De Mol P, 2014. Prevalence of *Campylobacter* among goats and retail goat meat in Congo. *The Journal of Infection in Developing Countries*, 8 (2), 168-175. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3855/jidc.3199>
- Alberts CJ, Schim van der Loeff MF, Sadik S, Zuure FR, Beune E, Prins M, Snijder MB & Bruisten SM, 2018. Hepatitis E virus seroprevalence and determinants in various study populations in the Netherlands. *PLoS ONE*, 13 (12), e0208522. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0208522>
- Alonso CA, Mora A, Díaz D, Blanco M, González-Barrio D, Ruiz-Fons F, Simón C, Blanco J & Torres C, 2017. Occurrence and characterization of stx and/or eae-positive *Escherichia coli* isolated from wildlife, including a typical EPEC strain from a wild boar. *Veterinary Microbiology*, 207, 69-73. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2017.05.028>
- Alvsøike O & Skjerve E, 2002. Prevalence of a *Salmonella* subspecies *diarizonae* in Norwegian sheep herds. *Preventive Veterinary Medicine*, 52 (3), 277-285. Beschikbaar online: [https://doi.org/10.1016/S0167-5877\(01\)00252-5](https://doi.org/10.1016/S0167-5877(01)00252-5)
- Ang G, Garssen M, van Agtmael M, Dippel D & Sluiter J, 2006. Diagnostiek en therapie van neurocysticercose. *Tijdschrift voor Infectieziekten*, 1 (2), 55-63. Beschikbaar online: <https://www.eriez.nl/wp-content/uploads/2018/08/55-63-1.pdf>
- ANSES, 2015. AVIS de l'Anses relatif à la présence de parasites méso-cercaires du trématode parasite *Alaria alata* dans des viandes de sanglier sauvage. Saisine n° 2015-SA-0052 Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (ANSES), Maisons-Alfort, 33 pp. Beschikbaar online: <https://www.anses.fr/fr/system/files/BIORISK2015sa0052.pdf>
- Antonis AF, van Knapen F, Dercksen DP & Jager PM, 1998. Toxoplasmose bij geiten in Nederland: een pilot-studie. *Tijdschrift voor Diergeneeskunde*, 123 (19), 561-565.
- Arguello E, Otto CC, Mead P & Babady NE, 2015. Bacteremia caused by *Arcobacter butzleri* in an immunocompromised host. *Journal of Clinical Microbiology*, 53 (4), 1448-1451. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1128/JCM.03450-14>
- Augustin J-C, Kooh P, Bayeux T, Guillier L, Meyer T, Jourdan-Da Silva N, Villena I, Sanaa M & Cerf O (on Behalf of the Anses Working Group on Consumer Information on Foodborne Biological Risks), 2020. Contribution of foods and poor food-handling practices to the burden of foodborne infectious diseases in France. *Foods*, 9 (11), 1644. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3390/foods9111644>
- Baechlein C & Becher P, 2017. No evidence for zoonotic hepatitis E virus infection through dairy milk in Germany. *Hepatology*, 65 (1), 394-395. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1002/hep.28863>
- Banting G & Figueras Salvat M, 2017. *Arcobacter*. In: Rose JB & Jiménez-Cisneros B (eds.), *Water and Sanitation for the 21st Century: Health and Microbiological Aspects of Excreta and Wastewater Management (Global Water Pathogen Project)*. (A. Pruden, N. Ashbolt and J. Miller (eds), Part 3: Specific Excreted Pathogens: Environmental and Epidemiology Aspects - Section 2: Bacteria). Michigan State University, E. Lansing, MI, UNESCO. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.14321/waterpathogens.22>
- Baptista FM, Dahl J & Nielsen LR, 2010. Factors influencing *Salmonella* carcass prevalence in Danish pig abattoirs. *Preventive Veterinary Medicine*, 95 (3), 231-238. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2010.04.007>
- Bártová E, Kobědová K, Budíková M & Račka K, 2021. Serological and molecular detection of *Toxoplasma gondii* in farm-reared ostriches (*Struthio camelus*) in the Czech Republic. *International Journal of Food Microbiology*, 356, 109333. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2021.109333>
- Bassi AMG, Steiner JC, Stephan R & Nüesch-Inderbinen M, 2021. Seroprevalence of *Toxoplasma gondii* and *Salmonella* in hunted wild boars from two different regions in Switzerland. *Animals*, 11 (8), 2227. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3390/ani11082227>
- Bastos C, Eisen AKA, Demoliner M, Heldt FH, Filippi M, de Abreu Góes Pereira VM, Teixeira TAM, Roth LO, Gularte JS & Spilki FR, 2022. Hepatitis E virus genotype 3 in bovine livers slaughtered in the state of Rio Grande do Sul, Brazil. *Brazilian Journal of Microbiology*. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1007/s42770-022-00741-1>

- Bayarri S, Gracia MJ, Lázaro R, Pe Rez-Arquillué C, Barberán M & Herrera A, 2010. Determination of the viability of *Toxoplasma gondii* in cured ham using bioassay: influence of technological processing and food safety implications. *Journal of Food Protection*, 73 (12), 2239-2243. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.4315/0362-028x-73.12.2239>
- Benestad SL, Mitchell G, Simmons M, Ytrehus B & Vikøren T, 2016. First case of chronic wasting disease in Europe in a Norwegian free-ranging reindeer. *Veterinary Research*, 47 (1). Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/s13567-016-0375-4>
- Benincà E, Lagerweij GR, Pijnacker R, Friesema I, Kretschmar M, Franz E & Mughini-Gras L, 2021. Disease burden of food-related pathogens in the Netherlands 2020. RIVM, Bilthoven. Beschikbaar online: <https://rivm.openrepository.com/handle/10029/625366>
- Beukers M & Boon PE, 2020. Consumptie van roodvlees door kinderen en volwassenen in Nederland. RIVM (ed.) Voedselconsumptiepeiling. RIVM, Bilthoven, 1-26 pp.
- Bhaduri S & Cottrell B, 2004. Survival of cold-stressed *Campylobacter jejuni* on ground chicken and chicken skin during frozen storage. *Applied and Environmental Microbiology*, 70 (12), 7103-7109. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1128/AEM.70.12.7103-7109.2004>
- Bier NS, Stollberg K, Mayer-Scholl A, Johne A, Nöckler K & Richter M, 2020. Seroprevalence of *Toxoplasma gondii* in wild boar and deer in Brandenburg, Germany. *Zoonoses and Public Health*, 67 (6), 601-606. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1111/zph.12702>
- Bonardi S, Tansini C, Cacchioli A, Soliani L, Poli L, Lamperti L, Corradi M & Gilioli S, 2021. *Enterobacteriaceae* and *Salmonella* contamination of wild boar (*Sus scrofa*) carcasses: comparison between different sampling strategies. *European Journal of Wildlife Research*, 67 (5), 88. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1007/s10344-021-01531-0>
- Borgen K, Herremans T, Duizer E, Vennema H, Rutjes S, Bosman A, de Roda Husman AM & Koopmans M, 2008. Non-travel related Hepatitis E virus genotype 3 infections in the Netherlands; a case series 2004 - 2006. *BMC Infectious Diseases*, 8, 61. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/1471-2334-8-61>
- Bosilevac JM, Gassem MA, Al Sheddy IA, Almaiman SA, Al-Mohizea IS, Alowaimier A & Koohmaria M, 2015. Prevalence of *Escherichia coli* O157:H7 and *Salmonella* in camels, cattle, goats, and sheep harvested for meat in Riyadh. *Journal of Food Protection*, 78 (1), 89-96. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.4315/0362-028x.Jfp-14-176>
- Bouamra Y, Gérolami R, Arzouni JP, Grimaud JC, Lafforgue P, Nelli M, Tivoli N, Ferretti A, Motte A & Colson P, 2014. Emergence of autochthonous infections with hepatitis E virus of genotype 4 in Europe. *Intervirology*, 57 (1), 43-48. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1159/000354801>
- Bouwknegt M, Dam-Deisz WDC, Wannet WJB, Pelt Wv, Visser G & Giessen AWvd, 2004. Surveillance of zoonotic bacteria in farm animals in The Netherlands - Results from January 1998 until December 2002. RIVM rapport 330050001. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM), Bilthoven, 62 pp. Beschikbaar online: <https://www.rivm.nl/bibliotheek/rapporten/330050001.pdf>
- Bouwknegt M, Mangen M-JJ, Friesema IHM, van Pelt W & Havelaar AH, 2014. Disease burden of food-related pathogens in the Netherlands, 2013. RIVM Letter report 2014-0115/2015. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu, Bilthoven, 36 pp. Beschikbaar online: <https://rivm.openrepository.com/handle/10029/620879>
- Bouwknegt M, Rutjes SA, Reusken CB, Stockhofe-Zurwieden N, Frankena K, de Jong MC, de Roda Husman AM & Poel WH, 2009. The course of hepatitis E virus infection in pigs after contact-infection and intravenous inoculation. *BMC Veterinary Research*, 5, 7. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/1746-6148-5-7>
- Boxman IL, Tilburg JJ, te Loeke NA, Vennema H, de Boer E & Koopmans M, 2007. An efficient and rapid method for recovery of norovirus from food associated with outbreaks of gastroenteritis. *Journal of Food Protection*, 70 (2), 504-508. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.4315/0362-028x-70.2.504>
- Boxman ILA, Jansen CCC, Hagele G, Zwartkruis-Nahuis A, Cremer J, Vennema H & Tijsma ASL, 2017. Porcine blood used as ingredient in meat productions may serve as a vehicle for hepatitis E virus transmission. *International Journal of Food Microbiology*, 257, 225-231. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2017.06.029>

- Boxman ILA, Jansen CCC, Hagele G, Zwartkruis-Nahuis A, Tijsma ASL & Vennema H, 2019. Monitoring of pork liver and meat products on the Dutch market for the presence of HEV RNA. *International Journal of Food Microbiology*, 296, 58-64. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2019.02.018>
- Boxman ILA, Jansen CCC, Zwartkruis-Nahuis AJT, Hagele G, Sosef NP & Dirks RAM, 2020. Detection and quantification of hepatitis E virus RNA in ready to eat raw pork sausages in the Netherlands. *International Journal of Food Microbiology*, 333, 108791. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2020.108791>
- Boxman ILA, Verhoef L, Dop PY, Vennema H, Dirks RAM & Opsteegh M, 2022. High prevalence of acute hepatitis E virus infection in pigs in Dutch slaughterhouses. *International Journal of Food Microbiology*, (379), 109830. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2022.109830>
- Brandwagt D, van den Wijngaard C, Tulen AD, Mulder AC, Hofhuis A, Jacobs R, Heck M, Verbruggen A, van den Kerkhof H, Slegers-Fitz-James I, Mughini-Gras L & Franz E, 2018. Outbreak of *Salmonella* Bovismorbificans associated with the consumption of uncooked ham products, the Netherlands, 2016 to 2017. *Eurosurveillance*, 23 (1), 17-00335. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.1.17-00335>
- Brouwer R, Kortbeek L, van Knapen F & Overbosch D, 1995. Neurocysticercose. *Nederlands Tijdschrift voor Geneeskunde*, 139 (52), 2721-2725. Beschikbaar online: <https://www.ntvg.nl/artikelen/neurocysticercose>
- Bruce ME, Will RG, Ironside JW, McConnell I, Drummond D, Suttie A, McCordle L, Chree A, Hope J, Birkett C, Cousens S, Fraser H & Bostock CJ, 1997. Transmissions to mice indicate that 'new variant' CJD is caused by the BSE agent. *Nature*, 389 (6650), 498-501. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1038/39057>
- Brynstad S & Granum PE, 2002. *Clostridium perfringens* and foodborne infections. *International Journal of Food Microbiology*, 74 (3), 195-202. Beschikbaar online: [https://doi.org/10.1016/S0168-1605\(01\)00680-8](https://doi.org/10.1016/S0168-1605(01)00680-8)
- Buehring GC, DeLaney A, Shen H, Chu DL, Razavian N, Schwartz DA, Demkovich ZR & Bates MN, 2019. Bovine leukemia virus discovered in human blood. *BMC Infectious Diseases*, 19 (1), 297. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/s12879-019-3891-9>
- Buehring GC, Shen HM, Jensen HM, Choi KY, Sun D & Nuovo G, 2014. Bovine leukemia virus DNA in human breast tissue. *Emerging Infectious Diseases*, 20 (5), 772-782. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3201/eid2005.131298>
- BuRO, 2012. Advies van de directeur bureau Risicobeoordeling & onderzoeksprogrammering aan de staatssecretaris van EL&I en de minister van VWS. Advies over gezondheidsrisico's voor de mens van *Mycobacterium avium* bij vleesvarkens. Nederlandse Voedsel- en Warenautoriteit - Bureau Risicobeoordeling & Onderzoek, Utrecht.
- BuRO, 2015. Risicobeoordeling roodvleesketen. De risico's voor voedselveiligheid en dierenwelzijn in de landbouwproductieketen van vlees van rund, varken, paard, schaap en geit. Nederlandse Voedsel- en Warenautoriteit - Bureau Risicobeoordeling & Onderzoek, Utrecht. Beschikbaar online: <https://www.nvwa.nl/documenten/consument/eten-drinken-roken/vlees-en-vleesproducten/risicobeoordelingen/risicobeoordeling-roodvleesketen>
- BuRO, 2017a. Advies over de risico's van de zuivelketen (incl. bijlagen). NVWA/BuRO/2017/266. Nederlandse Voedsel- en Warenautoriteit - Bureau Risicobeoordeling & onderzoek, Utrecht. Beschikbaar online: <https://www.nvwa.nl/documenten/consument/eten-drinken-roken/overige-voedselveiligheid/risicobeoordelingen/risicobeoordeling-zuivelketen-nvwa-buro>
- BuRO, 2017b. Advies van BuRO over *Mycobacterium avium* bij slachtvarkens. Nederlandse Voedsel- en Warenautoriteit - Bureau Risicobeoordeling & Onderzoek, Utrecht, 9 pp. Beschikbaar online: <https://www.nvwa.nl/documenten/dier/dierziekten/overige-dierziekten/risicobeoordelingen/advies-van-buro-over-mycobacterium-avium-bij-slachtvarkens>
- BuRO, 2019a. Advies over de risico's voor volksgezondheid en biodiversiteit door wasbeerhond en wasbeer in Nederland. Nederlandse Voedsel- en Warenautoriteit - Bureau Risicobeoordeling & onderzoek, Utrecht, 12 pp. Beschikbaar online: <https://www.nvwa.nl/documenten/dier/dieren-in-de-natuur/exoten/risicobeoordelingen/advies-van-buro-over-de-risico%E2%80%99s-voor-volksgezondheid-en-biodiversiteit-door-wasbeerhond-en-wasbeer-in-nederland>

- BuRO, 2019b. Advies over de risico's van keten van voedergrassen en plantaardig diervoeder (inclusief bijlagen). Nederlandse Voedsel- en Warenautoriteit - Bureau Risicobeoordeling & onderzoek, Utrecht. Beschikbaar online: <https://www.nvwa.nl/documenten/dier/diervoeder/diervoeder/risicobeoordelingen/advies-van-buro-over-de-risico%E2%80%99s-van-de-voedergrassen--en-diervoederketen>
- BuRO, 2020. Advies over de dier- en volksgezondheidsrisico's van op voormalige voedingsmiddelen gekweekte insecten als grondstof voor diervoeder. Nederlandse Voedsel- en Warenautoriteit - Bureau Risicobeoordeling & onderzoek, Utrecht, 62 pp. Beschikbaar online: <https://www.nvwa.nl/documenten/dier/diervoeder/diervoeder/risicobeoordelingen/advies-van-buro-over-gekweekte-insecten-als-grondstof-voor-diervoeder>
- Caballero-Gómez J, García-Bocanegra I, Jiménez-Martín D, Cano-Terriza D, Riscalde MA, López-López P, Jiménez-Ruiz S, Rivero A & Rivero-Juarez A, 2022. Epidemiological survey and risk factors associated with hepatitis E virus in small ruminants in southern Spain. *Zoonoses and Public Health*, 69 (4), 387-393. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1111/zph.12935>
- Calero-Bernal R, Pérez-Martín JE, Reina D, Serrano FJ, Frontera E, Fuentes I & Dubey JP, 2016. Detection of zoonotic protozoa *Toxoplasma gondii* and *Sarcocystis suis hominis* in wild boars from Spain. *Zoonoses and Public Health*, 63 (5), 346-350. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1111/zph.12243>
- Canova R, Weber MN, Budaszewski RF, da Silva MS, Schwingel D, Canal CW & Kreutz LC, 2021. Bovine leukemia viral DNA found on human breast tissue is genetically related to the cattle virus. *One Health*, 13, 100252. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2021.100252>
- Capita R, Vicente-Velasco M, Rodriguez-Melcon C, Garcia-Fernandez C, Carballo J & Alonso-Calleja C, 2019. Effect of low doses of biocides on the antimicrobial resistance and the biofilms of *Cronobacter sakazakii* and *Yersinia enterocolitica*. *Scientific Reports*, 9 (1), 15905. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1038/s41598-019-51907-1>
- Carbonero A, Paniagua J, Torralbo A, Arenas-Montes A, Borge C & García-Bocanegra I, 2014. *Campylobacter* infection in wild artiodactyl species from southern Spain: occurrence, risk factors and antimicrobial susceptibility. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 37 (2), 115-121. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2014.01.001>
- Cassard H, Torres JM, Lacroux C, Douet JY, Benestad SL, Lantier F, Lugan S, Lantier I, Costes P, Aron N, Reine F, Herzog L, Espinosa JC, Beringue V & Andreoletti O, 2014. Evidence for zoonotic potential of ovine scrapie prions. *Nature Communications*, 5, 5821. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1038/ncomms6821>
- Castelijin G, 2022. Surveillance van *Yersinia enterocolitica* op vleesvarkensbedrijven in Nederland. WFSR-rapport 2022.504. Wageningen Food Safety Research, Wageningen, 14 pp.
- Castillo-Contreras R, Marín M, López-Olvera JR, Ayats T, Fernandez Aguilar X, Lavín S, Mentaberre G & Cerdà-Cuellar M, 2022. Zoonotic *Campylobacter* spp. and *Salmonella* spp. carried by wild boars in a metropolitan area: occurrence, antimicrobial susceptibility and public health relevance. *Science of the Total Environment*, 822, 153444. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.153444>
- CBS StatLine, 2022. Activiteiten van biologische landbouwbedrijven; regio [Webpagina]. Beschikbaar online: <https://www.cbs.nl/nl-nl/nieuws/2022/43/585-biologische-landbouwbedrijven-erbij-sinds-2015> [Geraadpleegd: 25-10-2022].
- CDC, 2016. *Yersinia enterocolitica* (Yersiniosis) [Webpagina, 24-10-2016]. Beschikbaar online: <https://www.cdc.gov/yersinia/index.html> [Geraadpleegd: 15-01-2023].
- CDC, 2019. *Listeria* (Listeriosis) [Webpagina, 7-11-2019]. Beschikbaar online: <https://www.cdc.gov/listeria/index.html> [Geraadpleegd: 10-12-2019].
- CDC, 2021. Chronic wasting disease (CWD) [Webpagina, 10-09-2021]. Centers for Disease Control and Prevention. Beschikbaar online: <https://www.cdc.gov/prions/cwd/transmission.html> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- Cetin E, Temelli S & Eyigor A, 2020. Nontyphoid *Salmonella* prevalence, serovar distribution and antimicrobial resistance in slaughter sheep. *Food Science and Animal Resources*, 40 (1), 21-33. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.5851/kosfa.2019.e75>
- CFSPH, 2020. Taeniasis, cysticercosis and coenurosis [Webpagina, 03-2022]. The Center for Food Security & Public Health. Beschikbaar online: <https://www.cfsph.iastate.edu/Factsheets/pdfs/taenia.pdf> [Geraadpleegd: 01-06-2022].

- Chandra M, Singh BR, Shankar H, Agarwal M, Agrawal RK, Sharma G & Babu N, 2006. Study on prevalence of *Salmonella* infection in goats. *Small Ruminant Research*, 65 (1), 24-30. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2005.05.030>
- Chelli E, Suffredini E, De Santis P, De Medici D, Di Bella S, D'Amato S, Gucciardi F, Guercio A, Ostanello F, Perrone V, Purpari G, Scavia GS, Schembri P, Varcasia BM & Di Bartolo I, 2021. Hepatitis E virus occurrence in pigs slaughtered in Italy. *Animals*, 11 (2). Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3390/ani11020277>
- Chen X, Zhang Q, He C, Zhang L, Li J, Zhang W, Cao W, Lv YG, Liu Z & Zhang JX, 2012. Recombination and natural selection in hepatitis E virus genotypes. *Journal of Medical Virology*, 84 (9), 1396-1407. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1002/jmv.23237>
- Chlebicz A & Slizewska K, 2018. Campylobacteriosis, salmonellosis, yersiniosis, and listeriosis as zoonotic foodborne diseases: a review. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 15 (5). Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3390/ijerph15050863>
- Coelho C, Vieira-Pinto M, Faria AS, Vale-Gonçalves H, Veloso O, Paiva-Cardoso MdN, Mesquita JR & Lopes AP, 2014. Serological evidence of *Toxoplasma gondii* in hunted wild boar from Portugal. *Veterinary Parasitology*, 202 (3), 310-312. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2014.03.013>
- Coipan CE, Friesema IHM, van Hoek AHAM, van den Bosch T, van den Beld M, Kuiling S, Gras LM, Bergval I, Bosch T, Wullings B, van der Voort M & Franz E, 2023. New insights into the epidemiology of *Listeria monocytogenes* – A cross-sectoral retrospective genomic analysis in the Netherlands (2010–2020). *Frontiers in Microbiology*, 14. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1147137>
- Collado L & Figueras MJ, 2011. Taxonomy, epidemiology, and clinical relevance of the genus *Arcobacter*. *Clinical Microbiology Reviews*, 24 (1), 174-192. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1128/CMR.00034-10>
- Condoleo R, Rinaldi L, Sette S & Mezher Z, 2018. Risk assessment of human toxoplasmosis associated with the consumption of pork meat in Italy. *Risk Analysis*, 38 (6), 1202-1222. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1111/risa.12934>
- Corbellini LG, Costa EdF, Cardoso M & Nauta M, 2017. Quantitative microbial risk assessment of *Salmonella* in dry fermented sausage (salami) in Southern Brazil. *Microbial Risk Analysis*, 6, 31-43. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.mran.2017.02.001>
- Cotruvo JA, Dufour A, Rees G, Bartram J, Carr R, Cliver DO, Craun GF, Fayer R & Gannon VP, 2004. *Waterborne zoonoses: identification, causes, and control*. WHO (Iwa Publishing), 506 pp. Beschikbaar online: <https://www.who.int/publications/i/item/9241562730>
- Cuperus T, Opsteegh M, van der Ark K, Neppelenbroek N, Wit B, Wullings B, Kool J, Dierikx C, van Duijkeren E, van der Hoek A, Hengeveld P, Bos M, Kuijpers E & van der Giessen J, 2022. Surveillance zoonosen in melkvee 2021. Surveillance into zoonosen in dairy cattle 2021. RIVM rapport 2022-0080. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM). Beschikbaar online: <http://hdl.handle.net/10029/62611>
- Cuperus T, Opsteegh M, Wit B, Dierikx C, Hengeveld P, Dam C, Uiterwijk M, Roelfsema J, Hoek van A & Van der Giessen J, 2019. Surveillance zoonosen in vleesrunderen 2017. Rapport 2019-0081. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM), Bilthoven. Beschikbaar online: <https://rivm.openrepository.com/handle/10029/623186>
- da Silva RC & Langoni H, 2016. Risk factors and molecular typing of *Toxoplasma gondii* isolated from ostriches (*Struthio camelus*) from a Brazilian slaughterhouse. *Veterinary Parasitology*, 225, 73-80. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2016.06.001>
- Dadi L & Asrat D, 2008. Prevalence and antimicrobial susceptibility profiles of thermotolerant *Campylobacter* strains in retail raw meat products in Ethiopia. *Ethiopian Journal of Health Development*, 22 (2), 195-200. Beschikbaar online: <https://www.ejhd.org/index.php/ejhd/article/view/497>
- Dámek F, Fremaux B, Aubert D, Thoumire S, Delsart M, Martin J-L, Vuillermet S, Opsteegh M, Jokelainen P, Le Roux D, Boireau P, Villena I & Blaga R, 2023. Inactivation of *Toxoplasma gondii* in dry sausage and processed pork, and quantification of the pathogen in pig tissues prior to production. *Food and Waterborne Parasitology*, 31, e00194. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.fawpar.2023.e00194>

- Dargatz DA, Marshall KL, Fedorka-Cray PJ, Erdman MM & Koprak CA, 2015. *Salmonella* prevalence and antimicrobial susceptibility from the national animal health monitoring system sheep 2011 study. *Foodborne Pathogens and Disease*, 12 (12), 953-957. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1089/fpd.2015.2016>
- Davies PR, 2011. Intensive swine production and pork safety. *Foodborne Pathogens and Disease*, 8 (2), 189-201. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1089/fpd.2010.0717>
- de Azevedo Filho PCG, Ribeiro-Andrade M, Dos Santos JF, Dos Reis AC, de Araújo Valença SRF, Samico Fernandes EFT, Pinheiro Junior JW & Mota RA, 2020. Serological survey and risk factors for *Toxoplasma gondii* infection in cattle from Amazonas, Brazil. *Preventive Veterinary Medicine*, 176, 104885. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2020.104885>
- de Boer E, Zwartkruis-Nahuis JT & Lesuis R, 2008. Prevalence of human pathogenic *Yersinia enterocolitica* in pigs. *Tijdschrift voor Diergeneeskunde*, 133 (22), 938-941. Beschikbaar online: <https://edepot.wur.nl/7142>
- de Deus N, Casas M, Peralta B, Nofrarias M, Pina S, Martin M & Segales J, 2008. Hepatitis E virus infection dynamics and organic distribution in naturally infected pigs in a farrow-to-finish farm. *Veterinary Microbiology*, 132 (1-2), 19-28. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2008.04.036>
- de Jong JT, ten Brinke JM, van Ouwerkerk IM, Siebbeles MF, Fitz-James IA & in 't Veld PH, 2004. [Large-scale, acute, bacterial gastroenteritis caused by the enterotoxin of *Staphylococcus aureus* after a barbecue]. *Nederlands Tijdschrift voor Geneeskunde*, 148 (43), 2136-2140. Beschikbaar online: <https://www.ntvg.nl/system/files/publications/2004121360001a.pdf>
- de Jonge R, 2017. Microbiologische gevaren in de diervoederproductieketen. RIVM Briefrapport 2017-0066. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM), Bilthoven, 78 pp. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.21945/RIVM-2017-0066>
- de Jonge R & Aarts HJM, 2010. Verificatie deskundigenverklaring Salmonella - Kennisvraag 9.1.30C. Briefrapport 330391001/2010. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu, Bilthoven, 7 pp. Beschikbaar online: <https://www.rivm.nl/bibliotheek/rapporten/330391001.pdf>
- de Vos AS, Janssen MP, Zaaier HL & Hogema BM, 2017. Cost-effectiveness of the screening of blood donations for hepatitis E virus in the Netherlands. *Transfusion*, 57 (2), 258-266. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1111/trf.13978>
- Deksne G & Kirjušina M, 2013. Seroprevalence of *Toxoplasma gondii* in domestic pigs (*Sus scrofa domestica*) and wild boars (*Sus scrofa*) in Latvia. *Journal of Parasitology*, 99 (1), 44-47. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1645/ge-3187.1>
- Demirci M, Yiğın A, Ünlü Ö & Kılıç Altun S, 2019. [Detection of HEV RNA amounts and genotypes in raw milks obtained from different animals]. *Mikrobiyoloji Bülteni*, 53 (1), 43-52. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.5578/mb.67468>
- Deng H, Dam-Deisz C, Lutikholt S, Maas M, Nielen M, Swart A, Vellema P, van der Giessen J & Opsteegh M, 2016. Risk factors related to *Toxoplasma gondii* seroprevalence in indoor-housed Dutch dairy goats. *Preventive Veterinary Medicine*, 124, 45-51. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2015.12.014>
- Deng H, Swart A, Bonačić Marinović AA, van der Giessen JWB & Opsteegh M, 2020. The effect of salting on *Toxoplasma gondii* viability evaluated and implemented in a quantitative risk assessment of meat-borne human infection. *International Journal of Food Microbiology*, 314, 108380. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2019.108380>
- Díaz-Sánchez S, Sánchez S, Sánchez M, Herrera-León S, Hanning I & Vidal D, 2012. Detection and characterization of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* in game meat and ready-to-eat meat products. *International Journal of Food Microbiology*, 160 (2), 179-182. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2012.09.016>
- Djurkovic-Djakovic O & Milenkovic V, 2000. Effect of refrigeration and freezing on survival of *Toxoplasma gondii* tissue cysts. *Acta Veterinaria*, 50, 375-380. Beschikbaar online: <https://www.cabdirect.org/cabdirect/abstract/20013018250>
- Donadeu M, Lightowlers MW, Fahrion AS, Kessels J & Abela-Ridder B, 2016. *Taenia solium*: WHO endemicity map update. *Weekly Epidemiological Record*, 91 (49-50), 595-599. Beschikbaar online: <https://www.who.int/publications/i/item/who-wer914950>

- Dorey F & Collobert J, 1999. Prevalence of *Campylobacter* and *Salmonella* in retail horse meat. *Fleischwirtschaft*, 79 (5), 89-90. Beschikbaar online: <https://eurekamag.com/research/003/240/003240q30.php>
- DSM, 2022. Colibacillosis [Webpagina]. Beschikbaar online: <https://www.dsm.com/anh/challenges/supporting-animal-health/colibacillosis.html> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- Dubey JP, 2000. The scientific basis for prevention of *Toxoplasma gondii* infection: studies on tissue cyst survival, risk factors and hygiene measures. In: Ambroise-Thomas P & Petersen PE (eds.), *Congenital toxoplasmosis*. Springer Paris, Paris, pp. 271-275. Beschikbaar online: https://doi.org/10.1007/978-2-8178-0847-5_21
- Dubey JP, 2021. Outbreaks of clinical toxoplasmosis in humans: five decades of personal experience, perspectives and lessons learned. *Parasites & Vectors*, 14 (1), 263. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/s13071-021-04769-4>
- Dubey JP, Murata FHA, Cerqueira-Cézar CK, Kwok OCH & Yang YR, 2020. Public health significance of *Toxoplasma gondii* infections in cattle: 2009-2020. *Journal of Parasitology*, 106 (6), 772-788. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1645/20-82>
- Dubey JP, Scandrett WB, Kwok OC & Gajadhar AA, 2000. Prevalence of antibodies to *Toxoplasma gondii* in ostriches (*Struthio camelus*). *Journal of Parasitology*, 86 (3), 623-624. Beschikbaar online: [https://doi.org/10.1645/0022-3395\(2000\)086\[0623:Poattg\]2.0.Co;2](https://doi.org/10.1645/0022-3395(2000)086[0623:Poattg]2.0.Co;2)
- Duffy L, Barlow R, Fegan N & Vanderlinde P, 2009. Prevalence and serotypes of *Salmonella* associated with goats at two Australian abattoirs. *Letters in Applied Microbiology*, 48 (2), 193-197. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1111/j.1472-765X.2008.02501.x>
- Dziedzinska R, Krzyzankova M, Bena M & Vasickova P, 2020. Evidence of hepatitis E virus in goat and sheep milk. *Viruses*, 12 (12). Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3390/v12121429>
- Dzierzon J, Oswaldi V, Merle R, Langkabel N & Meemken D, 2022. Hepatitis E virus cross-contamination on the surface of porcine livers after storage in Euro meat containers in a German pig abattoir. *Journal of Consumer Protection and Food Safety*, 17 (1), 33-39. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1007/s00003-021-01357-7>
- Ebrahim R, Hamid RK, Saman S, Karim A, Manouchehr M & Majid R, 2010. Detection and identification of *Campylobacter* spp. from retail raw chicken, turkey, sheep and goat meat in Ahvaz, Iran. *African Journal of Microbiology Research*, 4 (15), 1620-1623. Beschikbaar online: <https://academicjournals.org/journal/AJMR/article-full-text-pdf/A74810713998>
- EC, 2000. Opinion of the Scientific Committee on Veterinary Measures relating to public health on the control of taeniosis/cysticercosis. 31 pp. Beschikbaar online: https://ec.europa.eu/food/system/files/2020-12/sci-com_scv_out36_en.pdf
- EC, 2013. Verordening (EU) nr. 209/2013 van de Commissie van 11 maart 2013 tot wijziging van Verordening (EG) nr. 2073/2005 inzake microbiologische criteria voor kiemgroenten en de bemonsteringsvoorschriften voor pluimveekarkassen en vers pluimveevlees [Webpagina]. Beschikbaar online: <http://data.europa.eu/eli/reg/2013/209/oj>
- ECDC, 2017a. Hepatitis E [Webpagina, 26-06-2017]. Beschikbaar online: <https://www.ecdc.europa.eu/en/hepatitis-e> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- ECDC, 2017b. Hepatitis E in the EU/EEA, 2005-2015. European Centre for Disease Prevention and Control, Stockholm, 34 pp. Beschikbaar online: https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/HEV_Surveillance-report-2005-2015.pdf
- ECDC, 2021. Yersiniosis. Annual epidemiological report for 2019. Surveillance report. European Centre for Disease Prevention and Control, Stockholm. Beschikbaar online: https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/AER-yersiniosis-2019_o.pdf
- ECDC, 2022a. Surveillance atlas of infectious diseases [Webpagina]. Beschikbaar online: <http://atlas.ecdc.europa.eu/public/index.aspx> [Geraadpleegd: 15-12-2022].
- ECDC, 2022b. *Clostridium difficile* infections - facts and surveillance [Webpagina]. Beschikbaar online: <https://www.ecdc.europa.eu/en/clostridium-difficile-infections/facts> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- EFSA, 2006. Opinion of the Scientific Panel on biological hazards (BIOHAZ) on the "Quantitative assessment of the human BSE risk posed by gelatine with respect to residual BSE". *EFSA Journal*, 4 (1), 312. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2006.312>

EFSA, 2007. Monitoring and identification of human enteropathogenic *Yersinia* spp. - Scientific Opinion of the Panel on Biological Hazards. EFSA Journal, 5 (12), 595. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2007.595>

EFSA, 2009. Analysis of the baseline survey on the prevalence of *Salmonella* in holdings with breeding pigs in the EU, 2008 - Part A: Salmonella prevalence estimates. EFSA Journal, 7 (12), 1377. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2009.1377>

EFSA, 2013. Technical specifications on harmonised epidemiological indicators for biological hazards to be covered by meat inspection of domestic sheep and goats. EFSA Journal, 11 (6). Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2013.3277>

EFSA, 2015a. Annual report of the Scientific Network on BSE TSE 2015. EFSA Supporting Publications, 12 (12), 915E. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/sp.efsa.2015.EN-915>

EFSA, 2015b. Annual report of the Scientific Network on Microbiological Risk Assessment 2015. 2397-8325. Wiley Online Library. Beschikbaar online: <https://www.efsa.europa.eu/en/supporting/pub/en-914>

EFSA, 2016a. Zoonoses monitoring in 2015 - Country report Netherlands. 225 pp. Beschikbaar online: <https://www.efsa.europa.eu/sites/default/files/zoocountryreport15nl.pdf>

EFSA, 2016b. Annual Report of the Scientific Network on BSE TSE 2016. EFSA Supporting Publications, 13 (12), 1149E. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/sp.efsa.2016.EN-1149>

EFSA, 2016c. Annual report of the Emerging Risks Exchange Network 2015. 2397-8325. Wiley Online Library. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/sp.efsa.2016.EN-1067>

EFSA, 2016d. Annual report of the Scientific Network on Microbiological Risk Assessment 2016. 2397-8325. Wiley Online Library. Beschikbaar online: <https://www.efsa.europa.eu/en/supporting/pub/en-1152>

EFSA, 2017a. Annual Report of the Scientific Network on BSE TSE 2017. EFSA Supporting Publications, 14 (12), 1350E. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/sp.efsa.2017.EN-1350>

EFSA, 2017b. Annual report of the Scientific Network on Microbiological Risk Assessment 2017. 2397-8325. Wiley Online Library. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/sp.efsa.2017.EN-1340>

EFSA, 2017c. Zoonoses monitoring in 2016 - Country report Netherlands. 352 pp. Beschikbaar online: <https://www.efsa.europa.eu/sites/default/files/zoocountryreport16nl.pdf>

EFSA, 2018a. Zoonoses monitoring in 2017 - Country report Netherlands. 235 pp. Beschikbaar online: <https://www.efsa.europa.eu/sites/default/files/zoocountryreport17nl.pdf>

EFSA, 2018b. Annual Report of the Scientific Network on BSE TSE 2018. EFSA Supporting Publications, 15 (12), 1528E. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/sp.efsa.2018.EN-1528>

EFSA, 2018c. Annual report of the Scientific Network on Microbiological Risk Assessment 2018. 2397-8325. Wiley Online Library. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/sp.efsa.2018.EN-1526>

EFSA, 2019a. EFSA's activities on emerging risks in 2018. 2397-8325. Wiley Online Library. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/sp.efsa.2019.EN-1704>

EFSA, 2019b. EFSA's activities on emerging risks in 2017. 2397-8325. Wiley Online Library. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/sp.efsa.2019.EN-1522>

EFSA, 2019c. Annual Report of the Scientific Network on BSE TSE 2019. EFSA Supporting Publications, 16 (12), 1771E. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/sp.efsa.2019.EN-1771>

EFSA, 2019d. Annual report of the Scientific Network on Microbiological Risk Assessment 2019. 2397-8325. Wiley Online Library. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/sp.efsa.2019.EN-1770>

EFSA, 2019e. Zoonoses monitoring in 2018 - Country report Netherlands. 199 pp. Beschikbaar online: <https://www.efsa.europa.eu/sites/default/files/zoocountryreport18nl.pdf>

EFSA, 2019f. Trends and sources of zoonoses and zoonotic agents in foodstuffs, animals and feedingstuffs in 2019: Netherlands country report. Beschikbaar online: <https://www.efsa.europa.eu/sites/default/files/zoocountryreport19nl.pdf>

EFSA, 2020a. Zoonoses monitoring in 2019 - Country report Netherlands. 44 pp. Beschikbaar online: <https://www.efsa.europa.eu/sites/default/files/zoocountryreport19nl.pdf>

EFSA, 2020b. EFSA's activities on emerging risks in 2019. EFSA Journal, 17 (9). Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/sp.efsa.2020.EN-1924>

EFSA, 2020c. The European Union summary report on surveillance for the presence of transmissible spongiform encephalopathies (TSE) in 2019. EFSA Journal, 18 (11). Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2020.6303>

- EFSA, 2021a. Annual report of the Scientific Network on BSE-TSE 2021. EFSA Supporting Publications, 18 (11), 6949. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/sp.efsa.2021.EN-6949>
- EFSA, 2021b. Food consumption data [Webpagina]. Beschikbaar online: <https://www.efsa.europa.eu/en/data-report/food-consumption-data> [Geraadpleegd: 01-05-2022].
- EFSA, 2022a. Emerging risks [Webpagina]. Beschikbaar online: <https://www.efsa.europa.eu/en/topics/topic/emerging-risks> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- EFSA, 2022b. Foodborne outbreaks - dashboard [Webpagina]. European Food Safety Authority. Beschikbaar online: <https://www.efsa.europa.eu/en/microstrategy/FBO-dashboard> [Geraadpleegd: 22-03-2022].
- EFSA & ECDC, 2012. The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2010. EFSA Journal, 10 (3), 2597. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2012.2597>
- EFSA & ECDC, 2016. The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2015. EFSA Journal, 14 (12), 4634 [4231 pp.]. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2016.4634>
- EFSA & ECDC, 2017. The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2016. EFSA Journal, 15 (12), 5077 Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2015.3991>
- EFSA & ECDC, 2018a. The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2017. EFSA Journal, 16 (12), e05500. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2018.5500>
- EFSA & ECDC, 2018b. Multi-country outbreak of *Listeria monocytogenes* serogroup IVb, multi-locus sequence type 6, infections linked to frozen corn and possibly to other frozen vegetables – first update. EFSA Supporting Publications, 15 (7), 1448E. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/sp.efsa.2018.EN-1448>
- EFSA & ECDC, 2019. The European Union One Health 2018 Zoonoses Report. EFSA Journal, 17 (12), e05926. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2019.5926>
- EFSA & ECDC, 2021a. The European Union One Health 2020 Zoonoses Report. EFSA Journal, 19 (12), e06971. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2021.6971>
- EFSA & ECDC, 2021b. The European Union One Health 2019 Zoonoses Report. EFSA Journal, 19 (2), e06406. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2021.6406>
- EFSA BIOHAZ Panel, 2005. Opinion of the Scientific Panel on biological hazards (BIOHAZ) related to *Clostridium* spp in foodstuffs. EFSA Journal, 199, 1-65. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2005.199>
- EFSA BIOHAZ Panel, 2007. Scientific opinion on surveillance and monitoring of *Toxoplasma* in humans, food and animals. EFSA Journal, (583), 1-64. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2007.583>
- EFSA BIOHAZ Panel, 2011a. Joint Scientific Opinion on any possible epidemiological or molecular association between TSEs in animals and humans. EFSA Journal, 9 (1), 1945. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2011.1945>
- EFSA BIOHAZ Panel, 2011b. Scientific Opinion on the public health hazards to be covered by inspection of meat (swine). EFSA Journal, 9 (10), 2351. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2011.2351>
- EFSA BIOHAZ Panel, 2013a. Scientific Opinion on the risk posed by pathogens in food of non-animal origin. Part 1 (outbreak data analysis and risk ranking of food/pathogen combinations). EFSA Journal, 11 (1). Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2013.3025>
- EFSA BIOHAZ Panel, 2013b. Scientific Opinion on the public health risks related to mechanically separated meat (MSM) derived from poultry and swine. EFSA Journal, 11 (3), 3137. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2013.3137>
- EFSA BIOHAZ Panel, 2013c. Scientific Opinion on the public health hazards to be covered by inspection of meat (solipeds). EFSA Journal, 11 (6), 3263. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2013.3263>
- EFSA BIOHAZ Panel, 2013d. Scientific Opinion on the public health hazards to be covered by inspection of meat (bovine animals). EFSA Journal, 11 (6), 3266. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2013.3266>

- EFSA BIOHAZ Panel, 2013e. Scientific Opinion on the public health hazards to be covered by inspection of meat from farmed game. EFSA Journal, 11 (6), 3264. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2013.3264>
- EFSA BIOHAZ Panel, 2013f. Scientific Opinion on the public health hazards to be covered by inspection of meat from sheep and goats. EFSA Journal, 11 (6), 3265. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2013.3265>
- EFSA BIOHAZ Panel, 2015. Scientific Opinion on a request for a review of a scientific publication concerning the zoonotic potential of ovine scrapie prions. EFSA Journal, 13 (8), 4197. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2015.4197>
- EFSA BIOHAZ Panel, 2017a. Public health risks associated with hepatitis E virus (HEV) as a food-borne pathogen. EFSA Journal, 15 (7), e04886. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2017.4886>
- EFSA BIOHAZ Panel, 2017b. Bovine spongiform encephalopathy (BSE) cases born after the total feed ban. EFSA Journal, 15 (7), e04885. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2017.4885>
- EFSA BIOHAZ Panel, 2018. *Listeria monocytogenes* contamination of ready-to-eat foods and the risk for human health in the EU. EFSA Journal, 16 (1), e05134. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2018.5134>
- EFSA BIOHAZ Panel, 2019. Update on chronic wasting disease (CWD) III. EFSA Journal, 17 (11), e05863. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2019.5863>
- EFSA BIOHAZ Panel, Koutsoumanis K, Allende A, Alvarez-Ordóñez A, Bolton D, Bover-Cid S, Chemaly M, Davies R, De Cesare A & Herman L, 2018. Public health risks associated with food-borne parasites. EFSA Journal, 16 (12), e05495. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2018.5495>
- Eppink DM, Wisselink HJ, Krijger IM, van der Giessen JWB, Swanenburg M, van Wagenberg CPA, van Asseldonk M & Bouwknegt M, 2021. Effectiveness and costs of interventions to reduce the within-farm *Toxoplasma gondii* seroprevalence on pig farms in the Netherlands. Porcine Health Management, 7 (1), 44. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/s40813-021-00223-0>
- Espíe E, De Valk H, Vaillant V, Quelquejeu N, Le Querrec F & Weill FX, 2005. An outbreak of multidrug-resistant *Salmonella* enterica serotype Newport infections linked to the consumption of imported horse meat in France. Epidemiology and Infection, 133 (2), 373-376. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1017/S0950268804003449>
- Espíe E, Grimont F, Vaillant V, Montet MP, Carle I, Bavai C, de Valk H & Vernozy-Rozand C, 2006. O148 Shiga toxin-producing *Escherichia coli* outbreak: microbiological investigation as a useful complement to epidemiological investigation. Clinical Microbiology and Infection, 12 (10), 992-998. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2006.01468.x>
- EU, 2022. Eurostat database [Webpagina]. Beschikbaar online: <https://ec.europa.eu/eurostat/data/database>
- Eurostat, 2023. EU trade since 1988 by HS2-4-6 and CN8 [DS-045409__custom_4719399] [Webpagina]. Beschikbaar online: https://ec.europa.eu/eurostat/databrowser/view/DS-045409__custom_4719399/default/table [Geraadpleegd: 30-01-2023].
- Faber M, Askar M & Stark K, 2018. Case-control study on risk factors for acute hepatitis E in Germany, 2012 to 2014. Eurosurveillance, 23 (19), 17-00469. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.19.17-00469>
- Fanelli A, Battisti E, Zanet S, Trisciuglio A & Ferroglio E, 2021. A systematic review and meta-analysis of *Toxoplasma gondii* in roe deer (*Capreolus capreolus*) and red deer (*Cervus elaphus*) in Europe. Zoonoses and Public Health, 68 (3), 182-193. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1111/zph.12780>
- Fanelli F, Di Pinto A, Mottola A, Mule G, Chieffi D, Baruzzi F, Tantillo G & Fusco V, 2019. Genomic characterization of *Arcobacter butzleri* isolated from shellfish: novel insight into antibiotic resistance and virulence determinants. Frontiers in Microbiology, 10, 670. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00670>
- FAO, 1998. Animal feeding and food safety. Report of an FAO Expert Consultation, Rome, 10-14 March 1997 FAO Food and nutrition paper. Beschikbaar online: <http://www.fao.org/3/a-w8901e.pdf>
- FAO & WHO, 2019. Codex Alimentarius Commission – Procedural Manual twenty-seventh edition. Joint FAO/WHO Food Standards Programme & World Health Organization (eds.). Food & Agriculture Organization, Rome, 254 pp. Beschikbaar online: <http://www.fao.org/publications/card/en/c/CA2329EN>

- FAO & WHO, 2008. Animal feed impact on food safety. Report of the FAO/WHO Expert Meeting. FAO Headquarters, Rome, 8-12 October 2007. ISBN 978-92-5-105902-9. FAO, Rome. Beschikbaar online: <http://www.fao.org/3/a-a1507e.pdf>
- Farber JM, Ross WH & Harwig J, 1996. Health risk assessment of *Listeria monocytogenes* in Canada. *International Journal of Food Microbiology*, 30 (1), 145-156. Beschikbaar online: [https://doi.org/10.1016/0168-1605\(96\)01107-5](https://doi.org/10.1016/0168-1605(96)01107-5)
- Farrokh C, Jordan K, Auvray F, Glass K, Oppegaard H, Raynaud S, Thevenot D, Condron R, De Reu K & Govaris A, 2013. Review of shiga-toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) and their significance in dairy production. *International Journal of Food Microbiology*, 162 (2), 190-212. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2012.08.008>
- Feng Y, Lu Y, Wang Y, Zhang L & Yang Y, 2017. *Toxoplasma gondii* and *Neospora caninum* in farm-reared ostriches (*Struthio camelus*) in China. *BMC Veterinary Research*, 13 (1), 301. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/s12917-017-1221-2>
- Forsythe SJ, 2000. *The microbiology of safe food*. Wiley, 412 pp. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1002/9780470999431>
- Fosse J, Seegers H & Magras C, 2008. Foodborne zoonoses due to meat: a quantitative approach for a comparative risk assessment applied to pig slaughtering in Europe. *Veterinary Research*, 39 (1). Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1051/vetres:2007039>
- Fredriksson-Ahomaa M, 2019. Wild boar: a reservoir of foodborne zoonoses. *Foodborne Pathogens and Disease*, 16 (3), 153-165. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1089/fpd.2018.2512>
- French E, Rodriguez-Palacios A & LeJeune JT, 2010. Enteric bacterial pathogens with zoonotic potential isolated from farm-raised deer. *Foodborne Pathogens and Disease*, 7 (9), 1031-1037. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1089/fpd.2009.0486>
- Friesema I, Pijnacker R, Tulen L, van den Beld M, Mughini Gras L, Bosch T & Franz E, 2021. Jaarrapportage surveillance gastro-intestinale infecties en zoönosen. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu, Bilthoven, 111 pp. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.21945/RIVM-2021-0188>
- Friesema I, Slegers-Fitz-James I, Wit B & Franz E, 2019a. Voedselgerelateerde uitbraken in Nederland: 2006-2017. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu, Bilthoven. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.21945/RIVM-2019-0059>
- Friesema IH, Slegers-Fitz-James IA, Wit B & Franz E, 2022. Surveillance and characteristics of food-borne outbreaks in the Netherlands, 2006 to 2019. *Eurosurveillance*, 27 (3), 2100071. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.3.2100071>
- Friesema IHM, Hofhuis A, Hoek-van Deursen D, Jansz AR, Ott A, van Hellemond JJ, van der Giessen J, Kortbeek LM & Opsteegh M, 2023. Risk factors for acute toxoplasmosis in the Netherlands. *Epidemiology and Infection*, 151, e95. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1017/S0950268823000808>
- Friesema IHM, Kuiling S, Heck MEOC, Biesta-Peters EG, de Jong AEI, van der Ende A, Spanjaard L & van Pelt W, 2015. Surveillance van *Listeria monocytogenes* in Nederland, 2013. *Infectieziekten Bulletin*, 26 (1), 14-19. Beschikbaar online: <http://www.rivm.nl/dsresource?objectid=rivmp:270553&type=org&disposition=inline>
- Friesema IHM, Kuiling S, Heck MEOC, Biesta-Peters EG, van der Ende A & Franz E, 2017a. Surveillance van *Listeria monocytogenes* in Nederland, 2016. *Infectieziekten Bulletin*, 28 (8), 279-286. Beschikbaar online: <https://www.rivm.nl/surveillance-van-listeria-monocytogenes-in-nederland-2016>
- Friesema IHM, Kuiling S, Heck MEOC, Biesta-Peters EG, van der Ende A, Spanjaard L & van Pelt W, 2016. Surveillance van *Listeria monocytogenes* in Nederland, 2014. *Infectieziekten Bulletin*, 27 (2), 73-80. Beschikbaar online: <https://www.rivm.nl/surveillance-van-listeria-monocytogenes-in-nederland-2014>
- Friesema IHM, Kuiling S, Heck MEOC, Biesta-Peters EG, van der Ende A & van Pelt W, 2017b. Surveillance van *Listeria monocytogenes* in Nederland, 2015. *Infectieziekten Bulletin*, 28 (1), 17-22. Beschikbaar online: <https://www.rivm.nl/surveillance-van-listeria-monocytogenes-in-nederland-in-2015>

- Friesema IHM, Kuiling S, Heck MEOC, van der Voort M, Biesta-Peters EG, Freudenburg-deGraaf W, van der Ende A & Franz E, 2017c. Surveillance van *Listeria monocytogenes* in Nederland, 2017. Infectieziekten Bulletin, 29 (11). Beschikbaar online: <https://magazines.rivm.nl/2018/04/infectieziekten-bulletin-o/surveillance-van-listeria-nederland-2017>
- Friesema IHM, Kuiling S, Heck MEOC, Wullings BA, van der Voort M, Freudenburg-de Graaf W, van der Ende A & Franz E, 2019b. Surveillance van *Listeria monocytogenes* in Nederland, 2018. Infectieziekten Bulletin, 30 (6). Beschikbaar online: <https://magazines.rivm.nl/2019/11/infectieziekten-bulletin-o/surveillance-van-listeria-monocytogenes-nederland-2018>
- Friesema IHM, Kuiling S, van der Voort M, van der Zwaluw K, van den Beld M, in 't Veld P & Franz E, 2020a. Surveillance van Shigatoxineproducerende *Escherichia coli* in Nederland, 2019. Infectieziekten Bulletin, 31 (3). Beschikbaar online: <https://magazines.rivm.nl/2020/12/infectieziekten-bulletin/surveillance-van-shigatoxineproducerende-escherichia-coli-nederland>
- Friesema IHM, Kuiling S, Wullings BA, van der Voort M, in't Veld PH, van den Beld M, van Sorge N, Freudenburg-de Graaf W & Franz E, 2020b. Surveillance van *Listeria monocytogenes* in Nederland, 2019. Infectieziekten Bulletin, 31 (3). Beschikbaar online: <https://magazines.rivm.nl/2020/12/infectieziekten-bulletin/surveillance-van-listeria-monocytogenes-nederland-2019>
- Friesema IHM, Slegers-Fitz-James IA, Wit B & Franz E, 2020c. Registratie voedselgerelateerde uitbraken in Nederland, 2018-2019. RIVM-rapport 2020-0131. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu, Bilthoven, 52 pp. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.21945/RIVM-2020-0131>
- FSAI, 2021. *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* and its links to Crohn's Disease - Report of the Scientific Committee of the Food Safety Authority of Ireland. Food Safety Authority of Ireland, Dublin, 40 pp. Beschikbaar online: [https://www.fsai.ie/uploadedFiles/Resources_and_Publications/Publications/Mycobacterium%20and%20possible%20links%20to%20Chrons%20\(1\).pdf](https://www.fsai.ie/uploadedFiles/Resources_and_Publications/Publications/Mycobacterium%20and%20possible%20links%20to%20Chrons%20(1).pdf)
- FSANZ, 2013. Agents of foodborne illness: *Campylobacter* species [Webpagina, December 2013]. Food Standards Australia New Zealand. Beschikbaar online: <https://www.foodstandards.gov.au/publications/Documents/Campylobacter%20species%20-%20dec%202013.pdf> [Geraadpleegd: 22-04-2022].
- Galal L, Hamidović A, Dardé ML & Mercier M, 2019. Diversity of *Toxoplasma gondii* strains at the global level and its determinants. Food and Waterborne Parasitology, 15, e00052. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.fawpar.2019.e00052>
- García-Bocanegra I, Rivero A, Caballero-Gómez J, López-López P, Cano-Terriza D, Frías M, Jiménez-Ruiz S, Riscalde MA, Gómez-Villamandos JC & Rivero-Juarez A, 2019. Hepatitis E virus infection in equines in Spain. Transboundary and Emerging Diseases, 66 (1), 66-71. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1111/tbed.12962>
- GD, 2018-2019. Veekijknieuws (edities over 2018 en 2019) [Webpagina]. Gezondheidsdienst voor Dieren. Beschikbaar online: https://www.gddiergezondheid.nl/diergezondheid/monitoring/hoofdpunten-monitoring-rundvee?sc_database=web [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- GD, 2020. EBL [Webpagina]. Beschikbaar online: <https://www.gddiergezondheid.nl/nl/dapcontact/Dierziektes/EBL> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- GD, 2022a. Scrapie genotypering resistent status [Webpagina]. Beschikbaar online: https://www.gddiergezondheid.nl/producten-en-diensten/producten/schaap-geit/scrapie-genotypering-resistent-status?sc_database=web [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- GD, 2022b. Dierziekten [Webpagina]. Beschikbaar online: <https://www.gddiergezondheid.nl/dierziekten> [Geraadpleegd: 22-04-2022].
- Geng Y, Zhao C, Huang W, Wang X, Xu Y, Wu D, Du Y, Liu H & Wang Y, 2019. Hepatitis E virus was not detected in feces and milk of cows in Hebei province of China: No evidence for HEV prevalence in cows. International Journal of Food Microbiology, 291, 5-9. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2018.11.002>
- Geudeke T & Franssen P, 2015. *E. coli*: vele varianten en ziektebeelden. GD Varken, 79, 8-9. Beschikbaar online: https://issuu.com/gezondheidsdienstvoordieren/docs/gd_varken_79/1
- Giannini P, Jermini M, Leggeri L, Nüesch-Inderbinen M & Stephan R, 2018. Detection of hepatitis E virus rna in raw cured sausages and raw cured sausages containing pig liver at retail stores in Switzerland. Journal of Food Protection, 81 (1), 43-45. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.4315/0362-028X.Jfp-17-270>

- Gill CO, 2005. Safety and storage stability of horse meat for human consumption. *Meat Science*, 71 (3), 506-513. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2005.04.030>
- Go HJ, Park BJ, Ahn HS, Lyoo EL, Kim DH, Lee JB, Park SY, Song CS, Lee SW & Choi IS, 2019. Identification of hepatitis E virus in bovine and porcine raw livers. *Journal of Microbiology and Biotechnology*, 29 (12), 2022-2025. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.4014/jmb.1910.10059>
- Greenlee JJ, Kunkle RA, Smith JD & Greenlee MHW, 2016. Scrapie in swine: a diagnostic challenge. *Food Safety*, 4 (4), 110-114. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.14252/foodsafetyfscj.2016019>
- Grierson S, Heaney J, Cheney T, Morgan D, Wyllie S, Powell L, Smith D, Ijaz S, Steinbach F, Choudhury B & Tedder RS, 2015. Prevalence of Hepatitis E Virus Infection in Pigs at the Time of Slaughter, United Kingdom, 2013. *Emerging Infectious Diseases*, 21 (8), 1396-1401. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3201/eid2108.141995>
- Gudmundsdottir KB, Svansson V, Aalbaek B, Gunnarsson E & Sigurdarson S, 2004. *Listeria monocytogenes* in horses in Iceland. *The Veterinary Record*, 155 (15), 456-459. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1136/vr.155.15.456>
- Guillier L, Fravallo P, Leclercq A, Thébault A, Kooh P, Cadavez V & Gonzales-Barron U, 2021. Risk factors for sporadic *Yersinia enterocolitica* infections: a systematic review and meta-analysis. *Microbial Risk Analysis*, 17, 100141. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.mran.2020.100141>
- Guo M, Buchanan RL, Dubey JP, Hill DE, Lambertini E, Ying Y, Gamble HR, Jones JL & Pradhan AK, 2015. Qualitative assessment for *Toxoplasma gondii* exposure risk associated with meat products in the United States. *Journal of Food Protection*, 78 (12), 2207-2219. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.4315/0362-028X.Jfp-15-270>
- Hagos Y, Gugsu G, Awol N, Ahmed M, Tsegaye Y, Abebe N & Bsrat A, 2021. Isolation, identification, and antimicrobial susceptibility pattern of *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* from cattle, goat, and chicken meats in Mekelle, Ethiopia. *PLoS ONE*, 16 (2), e0246755. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0246755>
- Hakze-van der Honing RW, van Coillie E, Antonis AF & van der Poel WH, 2011. First isolation of hepatitis E virus genotype 4 in Europe through swine surveillance in the Netherlands and Belgium. *PLoS ONE*, 6 (8), e22673. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0022673>
- Halos L, Thébault A, Aubert D, Thomas M, Perret C, Geers R, Alliot A, Escotte-Binet S, Ajzenberg D, Dardé ML, Durand B, Boireau P & Villena I, 2010. An innovative survey underlining the significant level of contamination by *Toxoplasma gondii* of ovine meat consumed in France. *International Journal for Parasitology*, 40 (2), 193-200. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2009.06.009>
- Haque M, Bosilevac JM & Chaves BD, 2022. A review of Shiga-toxin producing *Escherichia coli* (STEC) contamination in the raw pork production chain. *International Journal of Food Microbiology*, 377, 109832. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2022.109832>
- Havelaar AH, Galindo AV, Kurowicka D & Cooke RM, 2008. Attribution of foodborne pathogens using structured expert elicitation. *Foodborne Pathogens and Disease*, 5 (5), 649-659. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1089/fpd.2008.0115>
- Havelaar AH, Kirk MD, Torgerson PR, Gibb HJ, Hald T, Lake RJ, Praet N, Bellinger DC, de Silva NR, Gargouri N, Speybroeck N, Cawthorne A, Mathers C, Stein C, Angulo FJ, Devleeschauwer B & World Health Organization Foodborne Disease Burden Epidemiology Reference Group, 2015. World Health Organization global estimates and regional comparisons of the burden of foodborne disease in 2010. *PLoS Medicine*, 12 (12), e1001923. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.1001923>
- Hayashidani H, Kanzaki N, Kaneko Y, Okatani AT, Taniguchi T, Kaneko K-i & Ogawa M, 2002. Occurrence of yersiniosis and listeriosis in wild boars in Japan. *Journal of Wildlife Diseases*, 38 (1), 202-205. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.7589/0090-3558-38.1.202>
- Herrero L, Gracia MJ, Pérez-Arquillué C, Lázaro R, Herrera A & Bayarri S, 2017. *Toxoplasma gondii* in raw and dry-cured ham: The influence of the curing process. *Food Microbiology*, 65, 213-220. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.fm.2017.02.010>
- Heuvelink AE, van den Biggelaar FLAM, Zwartkruis-Nahuis JTM, Herbes RG, Huyben R, Nagelkerke N, Melchers WJG, Monnens LAH & de Boer E, 1998. Occurrence of verocytotoxin-producing *Escherichia coli* O157 on Dutch dairy farms. *Journal of Clinical Microbiology*, 36 (12), 3480-3487. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1128/JCM.36.12.3480-3487.1998>

- Hines M, 2007. Listeriosis. In: Sellon D & Long M (eds.), Equine infectious diseases. Elsevier Health Sciences, St. Louis, Missouri, USA, pp. 276-277. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/B978-1-4160-2406-4.X5001-7>
- Hinton MH, 2000. Infections and intoxications associated with animal feed and forage which may present a hazard to human health. Veterinary Journal, 159 (2), 124-138. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1053/tvj.1999.0412>
- Hirz M, Prenger-Berninghoff E, Förster C, Fey K & Herden C, 2020. *Listeria monocytogenes* meningoencephalomyelitis most likely due to septic spread as a rare cause of neurological disease and fever in an adult horse. Veterinary Record Case Reports, 8 (2), e001028. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1136/vetreccr-2019-001028>
- Hjartardóttir S, Gunnarsson E & Sigvaldadóttir J, 2002. *Salmonella* in sheep in Iceland. Acta Veterinaria Scandinavica, 43 (1), 43. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/1751-0147-43-43>
- Hoffmann S, Devleeschauwer B, Aspinall W, Cooke R, Corrigan T, Havelaar A, Angulo F, Gibb H, Kirk M, Lake R, Speybroeck N, Torgerson P & Hald T, 2017. Attribution of global foodborne disease to specific foods: findings from a World Health Organization structured expert elicitation. PLoS ONE, 12 (9), e0183641. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0183641>
- Hofhuis A, van Pelt W, van Duynhoven YT, Nijhuis CD, Mollema L, van der Klis FR, Havelaar AH & Kortbeek LM, 2011. Decreased prevalence and age-specific risk factors for *Toxoplasma gondii* IgG antibodies in The Netherlands between 1995/1996 and 2006/2007. Epidemiology and Infection, 139 (4), 530-538. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1017/S0950268810001044>
- Hogema BM, Hakze-van der Honing R, Molier M, Zaaier HL & Van der Poel WHM, 2021. Comparison of hepatitis E virus sequences from humans and swine, the Netherlands, 2008-2015. Viruses, 13 (7), 1265. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3390/v13071265>
- Hogema BM, Molier M, Slot E & Zaaier HL, 2014. Past and present of hepatitis E in the Netherlands. Transfusion, 54 (12), 3092-3096. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1111/trf.12733>
- Houston F & Andréoletti O, 2019. Animal prion diseases: the risks to human health. Brain Pathology, 29 (2), 248-262. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1111/bpa.12696>
- Hulánková R, Bořilová G & Plhal R, 2018. Occurrence and characterisation of selected bacterial pathogens in the intestinal tract of wild boars hunted in the Czech Republic. Proceedings of the 12th International symposium on wild boar and other suids, Tsjechië, 50-54 pp. Beschikbaar online: <https://katalog.mendelu.cz/records/ad6fod59-foe7-4552-bb54-294c5929813b>
- Inés R, Luis Pedro F, José Calasanz J, Marta Ruiz de A, Héctor R, José Antonio V & Delia L, 2021. *Salmonella enterica* subsp. *diarizonae* serotype 61:k:1:5:(7) a host adapted to sheep. In: Alexandre L, Patricia R & Carlos Manuel F (eds.), *Salmonella* spp - a global challenge. IntechOpen, Rijeka, pp. 11. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.5772/intechopen.95513>
- Innes EA, Bartley PM, Buxton D & Katzer F, 2009. Ovine toxoplasmosis. Parasitology, 136 (14), 1887-1894. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1017/S0031182009991636>
- Jokelainen P, Velström K & Lassen B, 2015. Seroprevalence of *Toxoplasma gondii* in free-ranging wild boars hunted for human consumption in Estonia. Acta Veterinaria Scandinavica, 57 (1), 42. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/s13028-015-0133-z>
- Kanguru L, Logan G, Waddel B, Smith C, Molesworth A & Knight R, 2022. A clinicopathological study of selected cognitive impairment cases in Lothian, Scotland: enhanced CJD surveillance in the 65 + population group. BMC Geriatrics, 22 (1), 603. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/s12877-022-03280-4>
- Kerkhof P-J, Peruzzy MF, Murru N & Houf K, 2022. Wild boars as reservoir for *Campylobacter* and *Arcobacter*. Veterinary Microbiology, 270, 109462. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2022.109462>
- KHN, 2016. Hygienecode voor de horeca. Koninklijke Horeca Nederland, 47 pp. Beschikbaar online: <https://www.khn.nl/lobby/khn-lobby/duurzaamheid/hygienecode>
- Kim NH, Park SM, Kim HW, Cho TJ, Kim SH, Choi C & Rhee MS, 2019. Prevalence of pathogenic *Arcobacter* species in South Korea: comparison of two protocols for isolating the bacteria from foods and examination of nine putative virulence genes. Food Microbiology, 78, 18-24. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.fm.2018.09.008>

- KNS, 2021. Hygienecode voor het slagers- en poeliersbedrijf. Koninklijke Nederlandse slagers. Beschikbaar online: <https://www.knsnet.nl/praktisch-a-z/hygienecode-voor-het-slagers-en-peliersbedrijf>
- Korpysa-Dzirba W, Różycki M, Bilska-Zajac E, Karamon J, Sroka J, Bełcik A, Wasiaś M & Cencek T, 2021. *Alaria alata* in terms of risks to consumers' health. *Foods*, 10 (7), 1614. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3390/foods10071614>
- Kortbeek LM, De Melker HE, Veldhuijzen IK & Conyn-Van Spaendonck MA, 2004. Population-based *Toxoplasma* seroprevalence study in The Netherlands. *Epidemiology and Infection*, 132 (5), 839-845. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1017/S0950268804002535>
- Kortbeek LM, Hofhuis A, Nijhuis CD & Havelaar AH, 2009. Congenital toxoplasmosis and DALYs in the Netherlands. *Memorias do Instituto Oswaldo Cruz*, 104 (2), 370-373. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1590/S0074-02762009000200034>
- Kuhn KG, Nielsen EM, Mølbak K & Ethelberg S, 2017. Epidemiology of campylobacteriosis in Denmark 2000–2015. *Zoonoses and Public Health*, 00, 1-8. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1111/zph.12367>
- Laaksonen S, Oksanen A, Julmi J, Zweifel C, Fredriksson-Ahomaa M & Stephan R, 2017. Presence of foodborne pathogens, extended-spectrum β -lactamase-producing *Enterobacteriaceae*, and methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in slaughtered reindeer in northern Finland and Norway. *Acta Veterinaria Scandinavica*, 59 (1), 2. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/s13028-016-0272-x>
- Lagerweij G, Pijnacker R, Friesema I, Mughini Gras L & Franz E, 2020. Disease burden of food-related pathogens in the Netherlands, 2019. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu, Bilthoven. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.21945/RIVM-2020-0117>
- Lagerweij G, Schimmer B, Mooij S, Raven S, Schoffelen A, de Gier B & Hahné S, 2021. Staat van Infectieziekten in Nederland, 2019. RIVM-Rapport 2020-0048. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM), Bilthoven, 45 pp. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.21945/RIVM-2020-0048>
- Laishram M, Rathlavath S, Lekshmi M, Kumar S & Nayak BB, 2016. Isolation and characterization of *Arcobacter* spp. from fresh seafood and the aquatic environment. *International Journal of Food Microbiology*, 232, 87-89. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2016.05.018>
- Lawson JS & Glenn WK, 2021. Catching viral breast cancer. *Infectious Agents and Cancer*, 16 (1), 37. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/s13027-021-00366-3>
- Lazou T, Dovas C, Houf K, Soutos N & Iossifidou E, 2014. Diversity of *Campylobacter* in retail meat and liver of lambs and goat kids. *Foodborne Pathogens and Disease*, 11 (4), 320-328. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1089/fpd.2013.1678>
- Li P, Ji Y, Li Y, Ma Z & Pan Q, 2022. Estimating the global prevalence of hepatitis E virus in swine and pork products. *One Health*, 14, 100362. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2021.100362>
- Li TC, Chijiwa K, Sera N, Ishibashi T, Etoh Y, Shinohara Y, Kurata Y, Ishida M, Sakamoto S, Takeda N & Miyamura T, 2005. Hepatitis E virus transmission from wild boar meat. *Emerging Infectious Diseases*, 11 (12), 1958-1960. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3201/eid1112.051041>
- Li Y, Qu C, Spee B, Zhang R, Penning LC, de Man RA, Peppelenbosch MP, Fieten H & Pan Q, 2020. Hepatitis E virus seroprevalence in pets in the Netherlands and the permissiveness of canine liver cells to the infection. *Irish Veterinary Journal*, 73 (1), 6. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/s13620-020-00158-y>
- Lipp O, Ritzmann M, Kixmüller M, Heinritzi K, Hensel A & Truyen U, 2004. Homogeneity of the prion protein gene in various European and Asian pig breeds. *Journal of Veterinary Medicine, Series B Infectious Diseases and Veterinary Public Health*, 51 (3), 97-98. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1111/j.1439-0450.2004.00742.x>
- Machnowska P, Ellerbroek L & John R, 2014. Detection and characterization of potentially zoonotic viruses in faeces of pigs at slaughter in Germany. *Veterinary Microbiology*, 168 (1), 60-68. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2013.10.018>
- McCarthy SC, Burgess CM, Fanning S & Duffy G, 2021. An overview of Shiga-toxin producing *Escherichia coli* carriage and prevalence in the ovine meat production chain. *Foodborne Pathogens and Disease*, 18 (3), 147-168. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1089/fpd.2020.2861>

- Meester M, Bouwknecht M, Hakze-van der Honing R, Vernooij H, Houben M, van Oort S, van der Poel WHM, Stegeman A & Tobias T, 2022. Repeated cross-sectional sampling of pigs at slaughter indicates varying age of hepatitis E virus infection within and between pig farms. *Veterinary Research*, 53 (1), 50. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/s13567-022-01068-3>
- Meester M, Swart A, Deng H, van Roon A, Trevisan C, Dorny P, Gabriël S, Vieira-Pinto M, Johansen MV & van der Giessen J, 2019. A quantitative risk assessment for human *Taenia solium* exposure from home slaughtered pigs in European countries. *Parasites & Vectors*, 12 (1), 82. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3320-3>
- Meester M, Tobias TJ, Bouwknecht M, Kusters NE, Stegeman JA & van der Poel WHM, 2021. Infection dynamics and persistence of hepatitis E virus on pig farms - a review. *Porcine Health Management*, 7 (1), 16. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/s40813-021-00189-z>
- Mesquita JR, Santos-Ferreira N, Ferreira AS, Albuquerque C, Nóbrega C, Esteves F, Cruz R, Vala H & Nascimento MSJ, 2020. Increased risk of hepatitis E virus infection in workers occupationally exposed to sheep. *Transboundary and Emerging Diseases*, 67 (5), 1918-1921. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1111/tbed.13524>
- Methner U & Moog U, 2018. Occurrence and characterisation of *Salmonella enterica* subspecies *diarizonae* serovar 61: k: 1, 5, (7) in sheep in the federal state of Thuringia, Germany. *BMC Veterinary Research*, 14 (1), 401. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/s12917-018-1741-4>
- Micas F, Suin V, Péron JM, Scholtes C, Tuailon E, Vanwolleghem T, Bocket L, Lhomme S, Dimeglio C, Izopet J & Abravanel F, 2021. Analyses of clinical and biological data for French and Belgian immunocompetent patients infected with hepatitis E virus genotypes 4 and 3. *Frontiers in Microbiology*, 12, 645020. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.645020>
- Milnes AS, Sayers AR, Stewart I, Clifton-Hadley FA, Davies RH, Newell DG, Cook AJC, Evans SJ, Smith RP & Paiba GA, 2009. Factors related to the carriage of Verocytotoxigenic *E. coli*, *Salmonella*, thermophilic *Campylobacter* and *Yersinia enterocolitica* in cattle, sheep and pigs at slaughter. *Epidemiology and Infection*, 137 (8), 1135-1148. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1017/S095026880900199X>
- Milnes AS, Stewart I, Clifton-Hadley FA, Davies RH, Newell DG, Sayers AR, Cheasty T, Cassar C, Ridley A, Cook AJC, Evans SJ, Teale CJ, Smith RP, McNally A, Toszeghy M, Futter R, Kay A & Paiba GA, 2008. Intestinal carriage of verocytotoxigenic *Escherichia coli* O157, *Salmonella*, thermophilic *Campylobacter* and *Yersinia enterocolitica*, in cattle, sheep and pigs at slaughter in Great Britain during 2003. *Epidemiology and Infection*, 136 (6), 739-751. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1017/S0950268807009223>
- Mirza Alizadeh A, Jazaeri S, Shemshadi B, Hashempour-Baltork F, Sarlak Z, Pilevar Z & Hosseini H, 2018. A review on inactivation methods of *Toxoplasma gondii* in foods. *Pathogens and Global Health*, 112 (6), 306-319. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1080/20477724.2018.1514137>
- Mooij SH, Hogema BM, Tulen AD, van Pelt W, Franz E, Zaaier HL, Molier M & Hofhuis A, 2018. Risk factors for hepatitis E virus seropositivity in Dutch blood donors. *BMC Infectious Diseases*, 18 (1), 173. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/s12879-018-3078-9>
- Mora A, López C, Dhabí G, López-Beceiro AM, Fidalgo LE, Díaz EA, Martínez-Carrasco C, Mamani R, Herrera A & Blanco JE, 2012. Seropathotypes, phylogroups, Stx subtypes, and intimin types of wildlife-carried, Shiga toxin-producing *Escherichia coli* strains with the same characteristics as human-pathogenic isolates. *Applied and Environmental Microbiology*, 78 (8), 2578-2585. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1128/AEM.07520-11>
- Morita S, Sato S, Maruyama S, Miyagawa A, Nakamura K, Nakamura M, Asakura H, Sugiyama H, Takai S, Maeda K & Kabeya H, 2022. Prevalence and whole-genome sequence analysis of *Campylobacter* spp. strains isolated from wild deer and boar in Japan. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 82, 101766. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2022.101766>
- Mrzljak A, Dinjar-Kujundzic P, Jemersic L, Prpic J, Barbic L, Savic V, Stevanovic V & Vilibic-Cavlek T, 2019. Epidemiology of hepatitis E in South-East Europe in the "One Health" concept. *World Journal of Gastroenterology*, 25 (25), 3168-3182. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3748/wjg.v25.i25.3168>
- MSD, 2022. MSD Manual - Veterinary manual [Webpagina]. Merck & Co., Inc. Beschikbaar online: <https://www.msddvetmanual.com/> [Geraadpleegd: 01-06-2022].

- Mughini-Gras L, Benincà E, McDonald SA, de Jong A, Chardon J, Evers E & Bonačić Marinović AA, 2022. A statistical modelling approach for source attribution meta-analysis of sporadic infection with foodborne pathogens. *Zoonoses Public Health*, 69 (5), 475-486. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1111/zph.12937>
- Mughini-Gras L, Enserink R, Friesema I, Heck M, van Duynhoven Y & van Pelt W, 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. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0087933>
- Mughini-Gras L, Pijnacker R, Coipan C, Mulder AC, Fernandes Veludo A, de Rijk S, van Hoek A, Buij R, Muskens G, Koene M, Veldman K, Duim B, van der Graaf-van Bloois L, van der Weijden C, Kuiling S, Verbruggen A, van der Giessen J, Opsteegh M, van der Voort M, Castelijin GAA, Schets FM, Blaak H, Wagenaar JA, Zomer AL & Franz E, 2021. Sources and transmission routes of campylobacteriosis: a combined analysis of genome and exposure data. *Journal of Infection*, 82 (2), 216-226. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2020.09.039>
- Mughini-Gras L, van Pelt W, van der Voort M, Heck M, Friesema I & Franz E, 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 (1), e8-e22. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1111/zph.12403>
- Mulder AC, Kroneman A, Franz E, Vennema H, Takkinen J, Hofhuis A, Adlhoch C & Members of HEVnet, 2019. HEVnet: a One Health, collaborative, interdisciplinary network and sequence data repository for enhanced hepatitis E virus molecular typing, characterisation and epidemiological investigations. *Eurosurveillance*, 24 (10). Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.10.1800407>
- Nabuurs MJ, van Zijderveld FG & de Leeuw PW, 1993. Clinical and microbiological field studies in The Netherlands of diarrhoea in pigs at weaning. *Research in Veterinary Science*, 55 (1), 70-77. Beschikbaar online: [https://doi.org/10.1016/0034-5288\(93\)90037-g](https://doi.org/10.1016/0034-5288(93)90037-g)
- Nastasijević I, Schmidt JW, Bošković M, Glišić M, Kalchayanand N, Shackelford SD, Wheeler TL, Koohmaraie M & Bosilevac JM, 2020. Seasonal prevalence of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* on pork carcasses for three steps of the harvest process at two commercial processing plants in the United States. *Applied and Environmental Microbiology*, 87 (1). Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1128/AEM.01711-20>
- Nathanson N, Wilesmith J & Griot C, 1997. Bovine spongiform encephalopathy (BSE): causes and consequences of a common source epidemic. *American Journal of Epidemiology*, 145 (11), 959-969. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.aje.a009064>
- Navarro-Gonzalez N, Porrero MC, Mentaberre G, Serrano E, Mateos A, Cabal A, Domínguez L & Lavín S, 2015. *Escherichia coli* O157:H7 in wild boars (*Sus scrofa*) and Iberian ibex (*Capra pyrenaica*) sharing pastures with free-ranging livestock in a natural environment in Spain. *Veterinary Quarterly*, 35 (2), 102-106. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1080/01652176.2015.1023404>
- Neumayerová H, Juránková J, Saláková A, Gallas L, Kovařík K & Koudela B, 2014. Survival of experimentally induced *Toxoplasma gondii* tissue cysts in vacuum packed goat meat and dry fermented goat meat sausages. *Food Microbiology*, 39, 47-52. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.fm.2013.11.001>
- NHG-werkgroep, Beentjes M, Weersma R, Koch W, Offringa A, Verduijn M, Mensink P, Wiersma T, Goudswaard A & Van Asselt K, 2012. Zwangerschap en kraamperiode [Webpagina]. Nederlands Huisartsen Genootschap. Beschikbaar online: <https://richtlijnen.nhg.org/standaarden/zwangerschap-en-kraamperiode> [Geraadpleegd: 10-01-2023].
- NIVEL, 2022. Griep: veelgestelde vragen [Webpagina, 01-04-2022]. Beschikbaar online: <https://www.nivel.nl/nl/nivel-zorgregistraties-eerste-lijn/griep-veelgestelde-vragen> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- NSW-DPI, 2022. Bovine Leukemia Virus (BLV) [Webpagina]. New South Wales government - Department of Primary Industries. Beschikbaar online: <https://www.dpi.nsw.gov.au/about-us/services/laboratory-services/veterinary/enzootic-bovine-leukosis-cattle> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- NVWA, 2021. Handelen NVWA bij uitbraak Listeria bedrijf Offerman. Nederlandse Voedsel- en Warenautoriteit, Utrecht, 17 pp. Beschikbaar online: <https://open.overheid.nl/repository/>

[ronl-69797034-667b-4037-91d9-ad7679d01c49/1/pdf/handelen-nvwa-bij-uitbraak-listeria-bedrijf-offerman.pdf](https://doi.org/10.1017/S0950268817002229)

- Olaya-Galán NN, Corredor-Figueroa AP, Guzmán-Garzón TC, Ríos-Hernandez KS, Salas-Cárdenas SP, Patarroyo MA & Gutierrez MF, 2017. Bovine leukaemia virus DNA in fresh milk and raw beef for human consumption. *Epidemiology and Infection*, 145 (15), 3125-3130. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1017/S0950268817002229>
- Omer MK, Álvarez-Ordoñez A, Prieto M, Skjerve E, Asehun T & Alvseike OA, 2018. A systematic review of bacterial foodborne outbreaks related to red meat and meat products. *Foodborne Pathogens and Disease*, 15 (10), 598-611. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1089/fpd.2017.2393>
- Opsteegh M, Boxman ILA, Jansen C, Dirks R, Wit B, van der Plaats R, Vennema H & Cuperus T, nog te publiceren. Prevalence, genotyping and risk factors of hepatitis E virus at finisher farms in 2019-2020. RIVM Letter report 2023- Z&O/2023-0026. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM), Bilthoven, 34 pp.
- Opsteegh M, Dam-Deisz C, de Boer P, DeCraeye S, Faré A, Hengeveld P, Luiten R, Schares G, van Solt-Smits C, Verhaegen B, Verkleij T, van der Giessen J & Wisselink HJ, 2020. Methods to assess the effect of meat processing on viability of *Toxoplasma gondii*: towards replacement of mouse bioassay by in vitro testing. *International Journal for Parasitology*, 50 (5), 357-369. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2020.04.001>
- Opsteegh M, Kortbeek L & van der Giessen J, 2011a. Beleidsadvies met betrekking tot de bestrijding van toxoplasmose in Nederland. RIVM Briefrapport 330061001/2011. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM), Bilthoven, 4 pp. Beschikbaar online: <https://www.rivm.nl/bibliotheek/rapporten/330061001.pdf>
- Opsteegh M, Maas M, Schares G & Giessen J, 2016a. 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, 294 (ed.). Beschikbaar online: <https://efsa.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.2903/j.efsa.2018.5495>
- Opsteegh M, Prickaerts S, Frankena K & Evers EG, 2011b. A quantitative microbial risk assessment for meatborne *Toxoplasma gondii* infection in The Netherlands. *International Journal of Food Microbiology*, 150 (2-3), 103-114. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2011.07.022>
- Opsteegh M, Schares G, Blaga R & van der Giessen J, 2016b. Experimental studies on *Toxoplasma gondii* in the main livestock species (GP/EFSA/BIOHAZ/2013/01) Final report. EFSA Supporting Publications, 13 (2), 995E. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2903/sp.efsa.2016.EN-995>
- Opsteegh M, Spano F, Aubert D, Balea A, Burrells A, Cherchi S, Cornelissen J, Dam-Deisz C, Guitian J, Györke A, Innes EA, Kutzer F, Limon G, Possenti A, Pozio E, Schares G, Villena I, Wisselink HJ & van der Giessen JWB, 2019. The relationship between the presence of antibodies and direct detection of *Toxoplasma gondii* in slaughtered calves and cattle in four European countries. *International Journal for Parasitology*, 49 (7), 515-522. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2019.01.005>
- Opsteegh M, Swart A, Fonville M, Dekkers L & van der Giessen J, 2011c. Age-related *Toxoplasma gondii* seroprevalence in Dutch wild boar inconsistent with lifelong persistence of antibodies. *PLoS ONE*, 6 (1), e16240. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0016240>
- Opsteegh M, Teunis P, Mensink M, Züchner L, Titilincu A, Langelaar M & van der Giessen J, 2010. Evaluation of ELISA test characteristics and estimation of *Toxoplasma gondii* seroprevalence in Dutch sheep using mixture models. *Preventive Veterinary Medicine*, 96 (3-4), 232-240. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2010.06.009>
- Opsteegh M, van Roon A, Wit B, Hagen-Lenselink R, van Duijkeren E, Dierikx C, Hengeveld P, Franz E, Bouw E, van der Meij A, van Hoek A & Van der Giessen J, 2018. Surveillance zoönosen in de melkgeiten- en melkschapenhouderij in 2016. RIVM Rapport 2018-0059. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM), Bilthoven, 72 pp. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.029/622053>
- Osterholm MT, Anderson CJ, Zabel MD, Scheftel JM, Moore KA & Appleby BS, 2019. Chronic wasting disease in cervids: implications for prion transmission to humans and other animal species. *MBio*, 10 (4), e01091-01019. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1128/mbio.01091-19>
- Palacios-Gorba C, Moura A, Leclercq A, Gómez-Martín Á, Gomis J, Jiménez-Trigos E, Mocé ML, Lecuit M & Quereda JJ, 2021. *Listeria* spp. isolated from tonsils of wild deer and boars: genomic

- characterization. *Applied and Environmental Microbiology*, 87 (6). Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1128/aem.02651-20>
- Palombieri A, Robetto S, Di Profio F, Sarchese V, Fruci P, Bona MC, Ru G, Orusa R, Marsilio F, Martella V & Di Martino B, 2020. Surveillance study of hepatitis E virus (HEV) in domestic and wild ruminants in Northwestern Italy. *Animals*, 10 (12). Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3390/ani10122351>
- Pardos de la Gandara M, Fournet N, Bonifait L, Lefèvre S, Chemaly M, Grastilleur C, Cadel-Six S, Fach P, Pignault A, Brisabois A, Jourdan-Da Silva N & Weill F-X, 2023. Countrywide multi-serotype outbreak of *Salmonella* Bovismorbificans ST142 and monophasic *Salmonella* Typhimurium ST3q associated with dried pork sausages in France, September 2020* to January 2021. *Eurosurveillance*, 28 (2), 2200123. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.2.2200123>
- Pas S, van der Eijk A & Koopmans M, 2017. Hepatitis E-virus: een 'one health'-perspectief op een zoonose. *Nederlands Tijdschrift voor Geneeskunde*, 25, 50-55. Beschikbaar online: <https://www.nvmm.nl/ntmm/artikeloverzicht/juni-2017/thema-zoonose-hev/>
- Pattis I, Moriarty E, Billington C, Gilpin B, Hodson R & Ward N, 2017. Concentrations of *Campylobacter* spp., *Escherichia coli*, *Enterococci*, and *Yersinia* spp. in the feces of farmed red deer in New Zealand. *Journal of Environmental Quality*, 46 (4), 819-827. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2134/jeq2017.01.0002>
- Paulsen P, Smulders FJM & Hilbert F, 2012. *Salmonella* in meat from hunted game: A Central European perspective. *Food Research International*, 45 (2), 609-616. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2011.06.055>
- Pearson DE, 2020. Is there a breach in the barrier protecting humans from cervid chronic wasting disease? *MBio*, 11 (5), e01971-01920. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1128/mBio.01971-20>
- Pennsylvania Game Commission, 2022. Listeriosis [Webpagina]. Beschikbaar online: <https://www.pgc.pa.gov/Wildlife/Wildlife-RelatedDiseases/Pages/Listeriosis.aspx> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- Perrat A, Branchu P, Decors A, Turci S, Bayon-Auboyer MH, Petit G, Grosbois V, Brugère H, Auvray F & Oswald E, 2022. Wild boars as reservoir of highly virulent clone of hybrid shiga toxinogenic and enterotoxinogenic *Escherichia coli* responsible for edema disease, France. *Emerging Infectious Diseases*, 28 (2), 382-393. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3201/eid2802.211491>
- Peruzy MF, Cristiano D, Delibato E, D'Alessio N, Proroga YT, Capozza RL, Rippa A & Murru N, 2022. Presence of enteric bacterial pathogens in meat samples of wild boar hunted in Campania region, southern Italy. *Italian Journal of Food Safety*, 11 (1). Beschikbaar online: <https://doi.org/10.4081/ijfs.2022.9967>
- Pexara A, Solomakos N & Govaris A, 2018. Q fever and seroprevalence of *Coxiella burnetii* in domestic ruminants. *Veterinaria Italiana*, 54 (4), 265-279. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.12834/VetIt.1113.6046.3>
- Philbey A, Glastonbury J, links I & Matthews L, 1991. *Yersinia* species isolated from sheep with enterocolitis. *Australian Veterinary Journal*, 68 (3), 108-110. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1111/j.1751-0813.1991.tb00768.x>
- Pichner R, Sander A, Steinhilber H & Gareis M, 2005. [Occurrence of *Salmonella* spp. and shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) in horse faeces and horse meat products]. *Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift*, 118 (7-8), 321-325. Beschikbaar online: <https://www.vetline.de/vorkommen-von-salmonella-spp-und-shigatoxin-bildenden-escherichia-coli-stec-in-pferdefaeces-und>
- Piras F, Spanu C, Mocchi AM, Demontis M, Santis EPLD & Scarano C, 2019. Occurrence and traceability of *Salmonella* spp. in five Sardinian fermented sausage facilities. *Italian Journal of Food Safety*, 8 (1), 8011-8011. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.4081/ijfs.2019.8011>
- Pires SM, Jakobsen LS, Ellis-Iversen J, Pessoa J & Ethelberg S, 2020. Burden of disease estimates of seven pathogens commonly transmitted through foods in Denmark, 2017. *Foodborne Pathogens and Disease*, 17 (5), 322-339. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1089/fpd.2019.2705>
- Pirisinu L, Tran L, Chiappini B, Vanni I, Di Bari MA, Vaccari G, Vikøren T, Madslien KI, Våge J, Spraker T, Mitchell G, Balachandran A, Baron T, Casalone C, Rolandsen CM, Røed KH, Agrimi U, Nonno R & Benestad SL, 2018. Novel type of chronic wasting disease detected in moose (*Alces alces*), Norway. *Emerging Infectious Diseases*, 24 (12), 2210-2218. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3201/eid2412.180702>

- Platform Melkgeitenhouderij, 2021. *Salmonella* [Webpagina, 30-03-2021]. Beschikbaar online: <https://platformmelkgeitenhouderij.nl/projecten/salmonella/> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- Platt-Samoraj A, 2022. Toxigenic properties of *Yersinia enterocolitica* biotype 1A. *Toxins*, 14 (2), 118. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3390/toxins14020118>
- Pott S, Koethe M, Bangoura B, Zöller B, Dausgchies A, Straubinger RK, Fehlhaber K & Ludewig M, 2013. Effects of pH, sodium chloride, and curing salt on the infectivity of *Toxoplasma gondii* tissue cysts. *Journal of Food Protection*, 76 (6), 1056-1061. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.4315/0362-028X.Jfp-12-519>
- Pouillot R, Klontz KC, Chen Y, Burall LS, Macarisin D, Doyle M, Bally KM, Strain E, Datta AR & Hammack TS, 2016. Infectious dose of *Listeria monocytogenes* in outbreak linked to ice cream, United States, 2015. *Emerging Infectious Diseases*, 22 (12), 2113. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3201/eid2212.160165>
- Prodinger WM, Indra A, Koksalan OK, Kilicaslan Z & Richter E, 2014. *Mycobacterium caprae* infection in humans. *Expert Review of Anti-infective Therapy*, 12 (12), 1501-1513. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1586/14787210.2014.974560>
- Prpić J, Černi S, Škorić D, Keros T, Brnić D, Cvetnić Ž & Jemeršić L, 2015. Distribution and molecular characterization of hepatitis e virus in domestic animals and wildlife in Croatia. *Food and Environmental Virology*, 7 (3), 195-205. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1007/s12560-015-9193-5>
- Prusiner SB, 1998. Prions. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 95 (23), 13363-13383. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1073/pnas.95.23.13363>
- Purcell RH & Emerson SU, 2008. Hepatitis E: an emerging awareness of an old disease. *Journal of Hepatology*, 48 (3), 494-503. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.jhep.2007.12.008>
- Quinn PJ, Markey BK, Leonard FC, FitzPatrick ES, Fanning S & Hartigan PJ, 2011. *Veterinary microbiology and microbial disease*, second edition. Blackwell Publishing Ltd., Oxford, UK. Beschikbaar online: <https://www.wiley.com/en-us/Veterinary+Microbiology+and+Microbial+Disease,+2nd+Edition-p-9781405158237>
- Racka K, Bárťová E, Budíková M & Vodrazka P, 2015. Survey of *Toxoplasma gondii* antibodies in meat juice of wild boar (*Sus scrofa*) in several districts of the Czech Republic. *Annals of Agricultural and Environmental Medicine*, 22 (2). Beschikbaar online: <https://doi.org/10.5604/12321966.1152071>
- Rahimi E, Ameri M & Kazemeini H, 2010. Prevalence and antimicrobial resistance of *Campylobacter* species isolated from raw camel, beef, lamb, and goat meat in Iran. *Foodborne Pathogens and Disease*, 7 (4), 443-447. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1089/fpd.2009.0421>
- Rahimi E, Kazemeini HR, Nozarpour N, Mohajeri N & Chakeri A, 2011. Prevalence of *Campylobacter* species in retail poultry carcasses in Ahvaz, Iran. *International Journal of Biology and Biotechnology (Pakistan)*, 8 (2), 221-224. Beschikbaar online: <https://tehqqeeqat.org/downloadpdf/30623>
- Ramees TP, Dhama K, Karthik K, Rathore RS, Kumar A, Saminathan M, Tiwari R, Malik YS & Singh RK, 2017. *Arcobacter*: an emerging food-borne zoonotic pathogen, its public health concerns and advances in diagnosis and control - a comprehensive review. *Veterinary Quarterly*, 37 (1), 136-161. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1080/01652176.2017.1323355>
- Rathlavath S, Kohli V, Singh AS, Lekshmi M, Tripathi G, Kumar S & Nayak BB, 2017. Virulence genotypes and antimicrobial susceptibility patterns of *Arcobacter butzleri* isolated from seafood and its environment. *International Journal of Food Microbiology*, 263, 32-37. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2017.10.005>
- Remfry SE, Amachawadi RG, Shi X, Bai J, Tokach MD, Dritz SS, Goodband RD, Derouchey JM, Woodworth JC & Nagaraja TG, 2021. Shiga toxin-producing *Escherichia coli* in feces of finisher pigs: Isolation, identification, and public health implications of major and minor serogroups. *Journal of Food Protection*, 84 (1), 169-180. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.4315/jfp-20-329>
- Requena JR, Kristensson K, Korth C, Zurzolo C, Simmons M, Aguilar-Calvo P, Aguzzi A, Andreoletti O, Benestad SL, Böhm R, Brown K, Calgua B, del Río JA, Espinosa JC, Girones R, Godsave S, Hoelzle LE, Knittler MR, Kuhn F, Legname G, Laeven P, Mabbott N, Mitrova E, Müller-Schiffmann A, Nuvolone M, Peters PJ, Raeber A, Roth K, Schmitz M, Schroeder B, Sonati T, Stitz L, Taraboulos A, Torres JM, Yan ZX & Zerr I, 2016. The Priority position paper: protecting Europe's food chain from prions. *Prion*, 10 (3), 165-181. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1080/19336896.2016.1175801>
- Ripellino P, Pianezzi E, Martinetti G, Zehnder C, Mathis B, Giannini P, Forrer N, Merlani G, Dalton HR, Petrini O, Bihl F, Fontana S & Gobbi C, 2021. Control of raw pork liver sausage

production can reduce the prevalence of hev infection. *Pathogens*, 10 (2). Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3390/pathogens10020107>

RIVM, 2000. Echinokokkose Richtlijn [Webpagina, 04-2014]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/echinokokkose> [Geraadpleegd: 01-06-2022].

RIVM, 2001. Buiktyfus Richtlijn [Webpagina, 01-11-2019]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/buiktyfus> [Geraadpleegd: 22-04-2022].

RIVM, 2006a. *Campylobacter*-infecties Richtlijn [Webpagina, 1-1-2017]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/campylobacter-infecties> [Geraadpleegd: 22-04-2022].

RIVM, 2006b. Salmonellose Richtlijn [Webpagina, 01-09-2020]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/salmonellose> [Geraadpleegd: 22-04-2022].

RIVM, 2007a. Ziekte van Creutzfeldt-Jakob Richtlijn [Webpagina]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/creutzfeldt-jakob-ziekte-van> [Geraadpleegd: 10-06-2022].

RIVM, 2007b. Virale hemorrhagische koorts - krim-congokoorts Richtlijn [Webpagina, 6-2017]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/virale-hemorragische-koorts-krim-congokoorts> [Geraadpleegd: 01-06-2022].

RIVM, 2008. Botulisme Richtlijn [Webpagina, 04-06-2019]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/botulisme> [Geraadpleegd: 01-06-2022].

RIVM, 2009. Toxoplasmose Richtlijn [Webpagina, 01-08-2018]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/toxoplasmose> [Geraadpleegd: 22-04-2022].

RIVM, 2010a. Shigatoxineproducerende *E. coli* (STEC)-infectie Richtlijn [Webpagina, 04-10-2021]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/shigatoxineproducerende-ecoli-stec-infectie> [Geraadpleegd: 22-04-2022].

RIVM, 2010b. Trichinellose Richtlijn [Webpagina, 01-0-2014]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/trichinellose> [Geraadpleegd: 22-04-2022].

RIVM, 2011a. Difterie Richtlijn [Webpagina, 6-3-2018]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/difterie> [Geraadpleegd: 19-12-2018].

RIVM, 2011b. Leverbot, fasciolose [Webpagina, 02-11-2018]. Rijksinstituut voor de Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://www.rivm.nl/leverbot-fasciolose> [Geraadpleegd: 01-06-2022].

RIVM, 2012. Cryptosporidiose Richtlijn [Webpagina, 11-2019]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/cryptosporidiose> [Geraadpleegd: 01-06-2022].

RIVM, 2014a. Clostridioides difficile Richtlijn [Webpagina, 01-07-2022]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/clostridioides-difficile> [Geraadpleegd: 01-06-2022].

RIVM, 2014b. Norovirus Richtlijn [Webpagina, 12-2019]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/norovirus> [Geraadpleegd: 01-06-2022].

RIVM, 2016a. Hepatitis E Richtlijn [Webpagina, 01-09-2019]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/hepatitis-e> [Geraadpleegd: 01-12-2022].

RIVM, 2016b. Listeriose Richtlijn [Webpagina, 04-06-2021]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/listeriose> [Geraadpleegd: 22-04-2022].

RIVM, 2017. Rotavirus Richtlijn [Webpagina, 01-11-2022]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/rotavirus> [Geraadpleegd: 22-04-2021].

RIVM, 2018a. Q-koorts Richtlijn [Webpagina, 03-07-2018]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/q-koorts> [Geraadpleegd: 22-04-2022].

RIVM, 2018b. Voedselconsumptiepeiling 2012-2016 [Webpagina, 04-07-2022]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://www.rivm.nl/voedselconsumptiepeiling> [Geraadpleegd: 15-01-2023].

RIVM, 2018c. *Staphylococcus aureus*-infecties inclusief MRSA-infecties en-dragerschap Richtlijn [Webpagina, 01-06-2019]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/staphylococcus-aureus-infecties-inclusief-mrsa> [Geraadpleegd: 22-04-2022].

- RIVM, 2019a. Rift Valley fever Richtlijn [Webpagina, 26-06-2020]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/rift-valley-fever> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- RIVM, 2019b. Taeniose - cysticerose [Webpagina, 16-09-2019]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: https://www.rivm.nl/Onderwerpen/T/Taeniose_Cysticerose [Geraadpleegd: 20-12-2022].
- RIVM, 2019c. Tuberculose Richtlijn [Webpagina, juni 2019]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/tuberculose> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- RIVM, 2019d. Malaria [Webpagina, 20-08-2019]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://www.rivm.nl/malaria> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- RIVM, 2019e. Trichinellose [Webpagina, 16-09-2019]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://www.rivm.nl/trichinellose> [Geraadpleegd: 26-08-2022].
- RIVM, 2019f. Giardiasis Richtlijn [Webpagina, 11-2019]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/giardiasis> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- RIVM, 2020. Consumptie van vlees in Nederland: SHIFT-DIETS-project. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu, Bilthoven, 6 pp. Beschikbaar online: <https://www.rivm.nl/documenten/factsheet-consumptie-van-vlees-in-nederland>
- RIVM, 2021a. Dengue [Webpagina, 27-07-2021]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://www.rivm.nl/dengue> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- RIVM, 2021b. Hepatitis A Richtlijn [Webpagina, 08-2021]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/hepatitis-a> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- RIVM, 2021c. Cholera [Webpagina, 27-07-2021]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://www.rivm.nl/cholera> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- RIVM, 2022a. Polio [Webpagina, 13-01-2022]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://www.rivm.nl/polio> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- RIVM, 2022b. Pest Richtlijn [Webpagina, 25-01-2022]. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu. Beschikbaar online: <https://lci.rivm.nl/richtlijnen/pest> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- Robesyn E, De Schrijver K, Wollants E, Top G, Verbeeck J & Van Ranst M, 2009. An outbreak of hepatitis A associated with the consumption of raw beef. *Journal of Clinical Virology*, 44 (3), 207-210. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.jcv.2008.12.012>
- Rodriguez-Lopez P, Rodriguez-Herrera JJ, Vazquez-Sanchez D & Lopez Cabo M, 2018. Current knowledge on *Listeria monocytogenes* biofilms in rood-related environments: incidence, resistance to biocides, ecology and biocontrol. *Foods*, 7 (6). Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3390/foods7060085>
- Rodriguez SM, Golemba MD, Campos RH, Trono K & Jones LR, 2009. Bovine leukemia virus can be classified into seven genotypes: evidence for the existence of two novel clades. *Journal of General Virology*, 90 (Pt 11), 2788-2797. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1099/vir.0.011791-0>
- Rogić L, Stevanović V, Benvin I, Jeličić P & Barbić L, 2021. Hepatitis E virus infections in horses, dogs and cats in the Republic of Croatia. *Veterinar*, 59 (2), 32-38. Beschikbaar online: <https://hrcak.srce.hr/en/file/396398>
- Rosner BM, Stark K & Werber D, 2010. Epidemiology of reported *Yersinia enterocolitica* infections in Germany, 2001-2008. *BMC Public Health*, 10, 337. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/1471-2458-10-337>
- Rostami A, Riahi SM, Fakhri Y, Saber V, Hanifehpour H, Valizadeh S, Gholizadeh M, Pouya RH & Gamble HR, 2017. The global seroprevalence of *Toxoplasma gondii* among wild boars: a systematic review and meta-analysis. *Vet Parasitol*, 244, 12-20. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2017.07.013>
- Ruiz-Fons F, 2017. A review of the current status of relevant zoonotic pathogens in wild swine (*Sus scrofa*) populations: changes modulating the risk of transmission to humans. *Transboundary and Emerging Diseases*, 64 (1), 68-88. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1111/tbed.12369>
- Rutjes SA, Bouwknegt M, van der Giessen JW, De Roda Husman AM & Reusken CBEM, 2014. Seroprevalence of hepatitis E virus in pigs from different farming systems in the Netherlands. *Journal of Food Protection*, 77 (4), 640-642. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.4315/0362-028X.Jfp-13-302>
- Rutjes SA, Lodder-Verschoor F, Lodder WJ, van der Giessen J, Reesink H, Bouwknegt M & de Roda Husman AM, 2010. Seroprevalence and molecular detection of hepatitis E virus in wild boar and

- red deer in The Netherlands. *Journal of Virological Methods*, 168 (1-2), 197-206. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2010.05.014>
- Rutjes SA, Lodder WJ, Bouwknecht M & de Roda Husman AM, 2007. Increased hepatitis E virus prevalence on Dutch pig farms from 33 to 55% by using appropriate internal quality controls for RT-PCR. *Journal of Virological Methods*, 143 (1), 112-116. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2007.01.030>
- Rutjes SA, Lodder WJ, Lodder-Verschoor F, van den Berg HH, Vennema H, Duizer E, Koopmans M & de Roda Husman AM, 2009. Sources of hepatitis E virus genotype 3 in The Netherlands. *Emerging Infectious Diseases*, 15 (3), 381-387. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3201/eid1503.071472>
- Sakudo A, Ano Y, Onodera T, Nitta K, Shintani H, Ikuta K & Tanaka Y, 2011. Fundamentals of prions and their inactivation (review). *International Journal of Molecular Medicine*, 27 (4), 483-489. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3892/ijmm.2011.605>
- Salines M, Andraud M & Rose N, 2017. From the epidemiology of hepatitis E virus (HEV) within the swine reservoir to public health risk mitigation strategies: a comprehensive review. *Veterinary Research*, 48 (1), 31. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/s13567-017-0436-3>
- Salines M, Rose N & Andraud M, 2020. Tackling hepatitis E virus spread and persistence on farrow-to-finish pig farms: Insights from a stochastic individual-based multi-pathogen model. *Epidemics*, 30, 100369. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.epidem.2019.100369>
- Sampers I, Jacxsens L, Luning PA, Marcelis WJ, Dumoulin A & Uyttendaele M, 2010. Performance of food safety management systems in poultry meat preparation processing plants in relation to *Campylobacter* spp. contamination. *Journal of Food Protection*, 73 (8), 1447-1457. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.4315/0362-028x-73.8.1447>
- Santé publique France, 2020a. Cas de salmonelloses liés à la consommation de viande de cheval crue ou peu cuite [Webpagina, 19-10-2020]. Beschikbaar online: <https://www.santepubliquefrance.fr/les-actualites/2020/cas-de-salmonelloses-lies-a-la-consommation-de-viande-de-cheval-crue-ou-peu-cuite> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- Santé publique France, 2020b. Épidémie de salmonelloses à *Salmonella* sérotype Bovismorbificans liée à la consommation de viande chevaline, Hauts-de-France, août 2019. [Webpagina]. Beschikbaar online: <https://www.santepubliquefrance.fr/maladies-et-traumatismes/maladies-infectieuses-d-origine-alimentaire/salmonellose/documents/rapport-synthese/epidemie-de-salmonelloses-a-salmonella-serotype-bovismorbificans-liee-a-la-consommation-de-viande-chevaline> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- Sarchese V, Di Profio F, Melegari I, Palombieri A, Sanchez SB, Arbuatti A, Ciuffetelli M, Marsilio F, Martella V & Di Martino B, 2019. Hepatitis E virus in sheep in Italy. *Transboundary and Emerging Diseases*, 66 (3), 1120-1125. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1111/tbed.13157>
- Sayed IM, Elkhawaga AA & El-Mokhtar MA, 2020. Circulation of hepatitis E virus (HEV) and/or HEV-like agent in non-mixed dairy farms could represent a potential source of infection for Egyptian people. *International Journal of Food Microbiology*, 317, 108479. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2019.108479>
- Schimmer B, Nygard K, Eriksen H-M, Lassen J, Lindstedt B-A, Brandal LT, Kapperud G & Aavitsland P, 2008. Outbreak of haemolytic uraemic syndrome in Norway caused by stx2-positive *Escherichia coli* O103:H25 traced to cured mutton sausages. *BMC Infectious Diseases*, 8 (1), 41. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/1471-2334-8-41>
- Schneeberger PM, Wintenberger C, van der Hoek W & Stahl JP, 2014. Q fever in the Netherlands - 2007-2010: what we learned from the largest outbreak ever. *Médecine et Maladies Infectieuses*, 44 (8), 339-353. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.medmal.2014.02.006>
- Scott MR, Will R, Ironside J, Nguyen HOB, Tremblay P, DeArmond SJ & Prusiner SB, 1999. Compelling transgenic evidence for transmission of bovine spongiform encephalopathy prions to humans. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 96 (26), 15137-15142. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1073/pnas.96.26.15137>
- Serra-Castelló C, Bover-Cid S, Garriga M, Hansen TB, Gunvig A & Jofré A, 2021. Risk management tool to define a corrective storage to enhance *Salmonella* inactivation in dry fermented sausages. *International Journal of Food Microbiology*, 346, 109160. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2021.109160>

- Shange N, 2020. The prevalence of *Campylobacter* and *Arcobacter* species in ostriches from South Africa. Stellenbosch: Stellenbosch University. Beschikbaar online: <http://scholar.sun.ac.za/handle/10019.1/108201>
- Shange N, Gouws P & Hoffman LC, 2019. *Campylobacter* and *Arcobacter* species in food-producing animals: prevalence at primary production and during slaughter. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 35 (9), 146. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1007/s11274-019-2722-x>
- Simpson S, Kaufmann MC, Glozman V & Chakrabarti A, 2020. Disease X: accelerating the development of medical countermeasures for the next pandemic. Lancet Infectious Diseases, 20 (5), e108-e115. Beschikbaar online: [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(20\)30123-7](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(20)30123-7)
- Slot E, Hogema BM, Riezebos-Brilman A, Kok TM, Molier M & Zaaier HL, 2013. Silent hepatitis E virus infection in Dutch blood donors, 2011 to 2012. Eurosurveillance, 18 (31). Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2807/1560-7917.es2013.18.31.20550>
- Slot E, Zaaier HL, Molier M, Van den Hurk K, Prinsze F & Hogema BM, 2017. Meat consumption is a major risk factor for hepatitis E virus infection. PLoS ONE, 12 (4), e0176414. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0176414>
- Smith BA, Meadows S, Meyers R, Parmley EJ & Fazil A, 2019. Seasonality and zoonotic foodborne pathogens in Canada: relationships between climate and *Campylobacter*, *E. coli* and *Salmonella* in meat products. Epidemiology and Infection, 147, e190. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1017/S0950268819000797>
- Smith DB, Simmonds P, Group motICotToVS, Jameel S, Emerson SU, Harrison TJ, Meng X-J, Okamoto H, Van der Poel WHM & Purdy MA, 2014. Consensus proposals for classification of the family Hepeviridae. Journal of General Virology, 95 (10), 2223-2232. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1099/vir.0.068429-0>
- Söderqvist K, Boqvist S, Wauters G, Vågsholm I & Thisted-Lambertz S, 2012. *Yersinia enterocolitica* in sheep - a high frequency of biotype 1A. Acta Veterinaria Scandinavica, 54 (1), 39. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/1751-0147-54-39>
- Soderqvist K, Lambertz ST, Vagsholm I, Fernstrom LL, Alsanus B, Mogren L & Boqvist S, 2017. Fate of *Listeria monocytogenes*, pathogenic *Yersinia enterocolitica*, and *Escherichia coli* O157:H7 gfp(+) in ready-to-eat salad during cold storage: what is the risk to consumers? Journal of Food Protection, 80 (2), 204-212. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.4315/0362-028X.JFP-16-308>
- Sörén K, Lindblad M, Jernberg C, Eriksson E, Melin L, Wahlström H & Lundh M, 2015. Changes in the risk management of *Salmonella enterica* subspecies *diarizonae* serovar 61:(k):1, 5, (7) in Swedish sheep herds and sheep meat due to the results of a prevalence study 2012. Acta Veterinaria Scandinavica, 57 (1), 6. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/s13028-015-0096-0>
- Stämpfli HR, 2022. Enterotoxemias (Clostridium perfringens infections) [Webpagina]. Beschikbaar online: <https://www.merckvetmanual.com/generalized-conditions/clostridial-diseases/enterotoxemias-in-animals?redirectid=3610?ruleredirectid=30#v3272297> [Geraadpleegd: 26-10-2022].
- Suijkerbuijk AWM, Over EAB, Opsteegh M, Deng H, Gils PFv, Bonačić Marinović AA, Lambooi M, Polder JJ, Feenstra TL, Giessen JWBvd, Wit GAd & Mangen M-JJ, 2019. A social cost-benefit analysis of two One Health interventions to prevent toxoplasmosis. PLoS ONE, 14 (5), e0216615. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0216615>
- Sumner J, Vanderlinde P, Kaur M & Jenson I, 2021. The changing shelf life of chilled, vacuum-packed red meat. In: Taormina PJ & Hardin MD (eds.), Food Safety and Quality-Based Shelf Life of Perishable Foods. Springer International Publishing, Cham, pp. 145-156. Beschikbaar online: https://doi.org/10.1007/978-3-030-54375-4_8
- Stunnenberg M, Huizen SCv, Swart A, Lodder WJ, Boxman ILA & Rutjes SA, 2023. Thermal Inactivation of Hepatitis E Virus in Pork Products Estimated with a Semiquantitative Infectivity Assay. Microorganisms, 11 (10), 2451. Beschikbaar online: <https://www.mdpi.com/2076-2607/11/10/2451>
- SVA, Jordbruksverket, Folkhälsomundigheten & Livsmedelsverket, 2022. Surveillance of infectious diseases in animals and humans in Sweden 2021. SVAs rapportserie 79 1654-7098. National Veterinary Institute (SVA), Uppsala, Sweden, 147 pp. Beschikbaar online: https://www.sva.se/media/1idpurqq/surveillance_1-3_2023-03-20_web-copy.pdf
- Swanenburg M, Gonzales JL, Bouwknegt M, Boender GJ, Oorburg D, Heres L & Wisselink HJ, 2019. Large-scale serological screening of slaughter pigs for *Toxoplasma gondii* infections in The Netherlands

- during five years (2012–2016): Trends in seroprevalence over years, seasons, regions and farming systems. *Veterinary Parasitology*: X, 2. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.vpoa.2019.100017>
- Swart AN, van Leusden F & Nauta MJ, 2016. A QMRA Model for *Salmonella* in pork products during preparation and consumption. *Risk Analysis*, 36 (3), 516-530. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1111/risa.12522>
- Szczerba-Turek A, Siemionek J, Socha P, Banczerz-Kisiel A, Platt-Samoraj A, Lipczynska-Ilczuk K & Szweda W, 2020. Shiga toxin-producing *Escherichia coli* isolates from red deer (*Cervus elaphus*), roe deer (*Capreolus capreolus*) and fallow deer (*Dama dama*) in Poland. *Food Microbiology*, 86, 103352. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.fm.2019.103352>
- Szczerba-Turek A, Socha P, Banczerz-Kisiel A, Platt-Samoraj A, Lipczynska-Ilczuk K, Siemionek J, Kończyk K, Terech-Majewska E & Szweda W, 2019. Pathogenic potential to humans of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* isolated from wild boars in Poland. *International Journal of Food Microbiology*, 300, 8-13. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2019.04.004>
- Tauxe RV, 2021. Microbiology and pathogenesis of *Yersinia* infections [Webpagina, 23-09-2021]. Beschikbaar online: <https://www.uptodate.com/contents/microbiology-and-pathogenesis-of-yersinia-infections> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- Taylor DM & Woodgate SL, 1997. Bovine spongiform encephalopathy: the causal role of ruminant-derived protein in cattle diets. *Revue Scientifique et Technique*, 16 (1), 187-198. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.20506/rst.16.1.1006>
- Tei S, Kitajima N, Takahashi K & Mishiro S, 2003. Zoonotic transmission of hepatitis E virus from deer to human beings. *Lancet*, 362 (9381), 371-373. Beschikbaar online: [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(03\)14025-1](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(03)14025-1)
- Tennant SM, Grant TH & Robins-Browne RM, 2003. Pathogenicity of *Yersinia enterocolitica* biotype 1A. *FEMS Immunology & Medical Microbiology*, 38 (2), 127-137. Beschikbaar online: [https://doi.org/10.1016/S0928-8244\(03\)00180-9](https://doi.org/10.1016/S0928-8244(03)00180-9)
- Tenter AM, Heckerroth AR & Weiss LM, 2000. *Toxoplasma gondii*: from animals to humans. *International Journal for Parasitology*, 30 (12-13), 1217-1258. Beschikbaar online: [https://doi.org/10.1016/S0020-7519\(00\)00124-7](https://doi.org/10.1016/S0020-7519(00)00124-7)
- Teunis P, Takumi K & Shinagawa K, 2004. Dose response for infection by *Escherichia coli* O157:H7 from outbreak data. *Risk Analysis*, 24 (2), 401-407. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1111/j.0272-4332.2004.00441.x>
- Tham W, Bannerman E, Bille J, Danielsson-Tham ML, Eld K, Ericsson H, Gavner-Widén D, Rocourt J & Mörner T, 1999. *Listeria monocytogenes* subtypes associated with mortality among fallow deer (*Dama dama*). *Journal of Zoo Wildlife Medicine*, 30 (4), 545-549. Beschikbaar online: <https://www.jstor.org/stable/20095919>
- Thomas KM, de Glanville WA, Barker GC, Benschop J, Buza JJ, Cleaveland S, Davis MA, French NP, Mmbaga BT, Prinsen G, Swai ES, Zadoks RN & Crump JA, 2020. Prevalence of *Campylobacter* and *Salmonella* in African food animals and meat: A systematic review and meta-analysis. *International Journal of Food Microbiology*, 315, 108382. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2019.108382>
- Tomino Y, Andoh M, Horiuchi Y, Shin J, Ai R, Nakamura T, Toda M, Yonemitsu K, Takano A, Shimoda H, Maeda K, Koderia Y, Oshima I, Takayama K, Inadome T, Shioya K, Fukazawa M, Ishihara K & Chuma T, 2020. Surveillance of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* and *Campylobacter* spp. in wild Japanese deer (*Cervus nippon*) and boar (*Sus scrofa*). *Journal of Veterinary Medical Science*, 82 (9), 1287-1294. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1292/jvms.19-0265>
- Tonbak F & Atasever M, 2022. Determination of hepatitis E virus in sheep and cattle by serological and molecular methods DNA sequences analysis. *Acta Veterinaria Eurasia*, 48, 94-100. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.5152/actavet.2022.21079>
- Topsector Agri&Food, 2019. 1H4F HEVentie: Hepatitis E virus intervention in primary pig production [Webpagina]. Beschikbaar online: <https://topsectoragrifood.nl/project/af-18119-1h4f-heventie-hepatitis-e-virus-intervention-in-primary-pig-production/> [Geraadpleegd: 01-03-2023].
- Tranulis MA, Gavner-Widén D, Vage J, Noremark M, Korpenfelt SL, Hautaniemi M, Pirisinu L, Nonno R & Benestad SL, 2021. Chronic wasting disease in Europe: new strains on the horizon. *Acta Veterinaria Scandinavica*, 63 (1), 48. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/s13028-021-00606-x>

- Treagus S, Wright C, Baker-Austin C, Longdon B & Lowther J, 2021. The foodborne transmission of hepatitis E virus to humans. *Food and Environmental Virology*, 13 (2), 127-145. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1007/s12560-021-09461-5>
- Tulen AD, Vennema H, van Pelt W, Franz E & Hofhuis A, 2019. A case-control study into risk factors for acute hepatitis E in the Netherlands, 2015–2017. *Journal of Infection*, 78 (5), 373-381. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2019.02.001>
- Uelze L, Borowiak M, Deneke C, Fischer J, Flieger A, Simon S, Szabó I, Tausch SH & Malorny B, 2021. Comparative genomics of *Salmonella enterica* subsp. *diarizonae* serovar 61:k:1,5,(7) reveals lineage-specific host adaptation of ST432. *Microbial Genomics*, 7 (8). Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1099/mgen.0.000604>
- Uiterwijk M, De Rosa M, Friesema I, Valkenburgh S, Roest H, van Pelt W, van den Kerkhof H, van der Giessen J & Maassen K, 2016. Staat van Zoönosen 2015. RIVM rapport 2016-0139. Nederlandse Voedsel- en Warenautoriteit (NVWA) & Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM), Bilthoven, 84 pp. Beschikbaar online: <https://www.rivm.nl/bibliotheek/rapporten/2016-0139.pdf>
- Uiterwijk M, Keur I, Friesema I, Rozendaal H, Holtslag M, van den Kerkhof H, Kortbeek T & Maassen K, 2018. Staat van Zoönosen 2017. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM), Bilthoven, 100 pp. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.21945/RIVM-2018-0112>
- Uiterwijk M, Keur I, Friesema I, Valkenburgh S, Holtslag M, van Pelt W, van den Kerkhof H, van der Giessen J, Kortbeek T, Nijse R & Maassen K, 2017. Staat van Zoönosen 2016. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM) & Nederlandse Voedsel- en Warenautoriteit (NVWA), Bilthoven, 96 pp. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.21945/RIVM-2017-0142>
- UMC Utrecht, 2022. *Taenia solium* [Webpagina]. Beschikbaar online: <https://www.umcutrecht.nl/nl/ziekenhuis/verrichting/taenia-solium> [Geraadpleegd: 01-05-2023].
- US FDA, 2012. Bad bug book. Foodborne pathogenic microorganisms and natural toxins. Second edition [Webpagina]. US Food and Drug Administration. Beschikbaar online: <http://www.fda.gov/downloads/Food/FoodborneIllnessContaminants/UCM297627.pdf>
- US FDA, 2019. Fish and fishery products hazards and controls guidance (fourth edition) - Appendix 4: Bacterial pathogen growth and inactivation. Beschikbaar online: <https://www.fda.gov/food/seafood-guidance-documents-regulatory-information/fish-and-fishery-products-hazards-and-controls-guidance>
- USDA-APHIS, 2021. Bovine Leukemia Virus (BLV) [Webpagina, 05-03-2022]. USDA - Animal and Plant Health Inspection Service. Beschikbaar online: <https://www.aphis.usda.gov/aphis/ourfocus/animalhealth/animal-disease-information/cattle-disease-information/bovine-leukemia-disease-info> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- van Asseldonk MAPM, Bouwknecht M, Wisselink HJ & van Wagenberg CPA, 2021. Quarter of pig farmers readily viewed information on *Toxoplasma gondii* infection in pigs provided in a data exchange system of a Dutch slaughter company. *Preventive Veterinary Medicine*, 193, 105410. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2021.105410>
- Van Cauteren D, Le Strat Y, Sommen C, Bruyand M, Tourdjman M, Da Silva NJ, Couturier E, Fournet N, de Valk H & Desenclos JC, 2017. Estimated annual numbers of foodborne pathogen-associated illnesses, hospitalizations, and deaths, France, 2008-2013. *Emerging Infectious Diseases*, 23 (9), 1486-1492. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3201/eid2309.170081>
- Van Damme I, Berkvens D, Vanantwerpen G, Baré J, Houf K, Wauters G & De Zutter L, 2015. Contamination of freshly slaughtered pig carcasses with enteropathogenic *Yersinia* spp.: Distribution, quantification and identification of risk factors. *International Journal of Food Microbiology*, 204, 33-40. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2015.03.016>
- Van Damme I, Vanantwerpen G, Berkvens D & De Zutter L, 2014. Relation between serology of meat juice and bacteriology of tonsils and feces for the detection of enteropathogenic *Yersinia* spp. in pigs at slaughter. *Foodborne Pathogens and Disease*, 11 (8), 596-601. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1089/fpd.2014.1743>
- van der Berg JP & Castelijin G, 2021. Occurrence of *Yersinia* species in the red meat product chains. Wageningen Food Safety Research, Wageningen.
- van Gageldonk-Lafeber AB, van der Hoek W, Borlée F, Heederik DJ, Mooi SH, Maassen CB, Yzermans CJ, Rockx B, Smit LA & Reimerink JH, 2017. Hepatitis E virus seroprevalence among the general population in a livestock-dense area in the Netherlands: a cross-sectional

- population-based serological survey. *BMC Infectious Diseases*, 17 (1), 21. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1186/s12879-016-2160-4>
- van Kreijl CF, Knaap AGAC, Busch MCM, Havelaar AH, Kramers PGN, Kromhout D, van Leeuwen FXR, van Leent-Loenen HMJA, Ocké MC & Verkleij H, 2004. Ons eten gemeten; Gezonde voeding en veilig voedsel in Nederland. Rapport 270555007. RIVM, Bilthoven, 362 pp. Beschikbaar online: <http://www.rivm.nl/bibliotheek/rapporten/270555007.pdf>
- van Lier A, McDonald SA, Bouwknegt M, group EPI, Kretzschmar ME, Havelaar AH, Mangen MJ, Wallinga J & de Melker HE, 2016. Disease burden of 32 infectious diseases in the Netherlands, 2007-2011. *PLoS ONE*, 11 (4), e0153106. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0153106>
- van Pelt W, de Wit MA, Wannet WJ, Ligthoet EJ, Widdowson MA & van Duynhoven YT, 2003. Laboratory surveillance of bacterial gastroenteric pathogens in The Netherlands, 1991-2001. *Epidemiology and Infection*, 130 (3), 431-441. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1017/S0950268803008392>
- Vanantwerpen G, Houf K, Van Damme I, Berkvens D & De Zutter L, 2013. Estimation of the within-batch prevalence and quantification of human pathogenic *Yersinia enterocolitica* in pigs at slaughter. *Food Control*, 34 (1), 9-12. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2013.04.005>
- Vanantwerpen G, Van Damme I, De Zutter L & Houf K, 2014. Within-batch prevalence and quantification of human pathogenic *Yersinia enterocolitica* and *Y. pseudotuberculosis* in tonsils of pigs at slaughter. *Veterinary Microbiology*, 169 (3-4), 223-227. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2013.12.019>
- Vercouter A-S, Sayed IM, Lipkens Z, De Bleecker K, De Vlieghe S, Colman R, Koppelman M, Supré K & Meuleman P, 2018. Absence of zoonotic hepatitis E virus infection in Flemish dairy cows. *International Journal of Food Microbiology*, 281, 54-59. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2018.05.009>
- Verity C, Winstone AM, Will R, Powell A, Baxter P, de Sousa C, Gissen P, Kurian M, Livingston J, McFarland R, Pal S, Pike M, Robinson R, Wassmer E & Zuberi S, 2019. Surveillance for variant CJD: should more children with neurodegenerative diseases have autopsies? *Archives of Disease in Childhood*, 104 (4), 360-365. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1136/archdischild-2018-315458>
- VetCompendium, 2022. Slingerziekte door shigatoxine producerende *E. coli*-stammen (STEC/VTEC) [Webpagina]. Belgisch Centrum voor Farmacotherapeutische Informatie (BCFI). Beschikbaar online: <https://www.vetcompendium.be/nl/node/3592> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- Vetlexicon, 2022. Listeriosis [Webpagina]. Beschikbaar online: <https://www.vetlexicon.com/treat/equis/diseases/listeriosis> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- Vikøren T, 2017. The surveillance programme for Chronic Wasting Disease (CWD) in free ranging and captive cervids in Norway 2016.
- VKM, 2008. *Salmonella diarizonae* hos dyr i Norge - Konsekvenser for dyr og mennesker. VKM Report 2008: 40. Vitenskapskomiteen for mattrygghet (VKM), 62 pp. Beschikbaar online: <https://vkm.no/english/riskassessments/allpublications/salmonelladiarizonaeinsheep.4.72c3261615e09f2472f4a2fc.html>
- Vlaanderen F, Cuperus T, Keur I, De Rosa M, Rozendaal H, Friesema I, Rietveld A, van der Poel W, Franz E & Maassen K, 2021. Staat van Zoönosen 2020. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM), Bilthoven, 84 pp. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.21945/rivm-2021-0190>
- Vlaanderen F, Cuperus T, Keur I, De Rosa M, Rozendaal H, Friesema I, Rietveld A, van der Poel W, Franz E & Maassen K, 2022. Staat van Zoönosen 2021. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM), Bilthoven. Beschikbaar online: <https://www.onehealth.nl/staat-van-zoonosen-2021>
- Vlaanderen F, Cuperus T, Keur I, De Rosa M, Rozendaal H, Friesema I, Van der Poel WH, Franz E & Maassen K, 2020. Staat van Zoönosen 2019. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM), Bilthoven. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.21945/RIVM-2020-0130>
- Vlaanderen F, Uiterwijk M, Cuperus T, Keur I, De Rosa M, Rozendaal H, Koene M, Schreurs H, Nijse R & Nielen M, 2019. Staat van Zoönosen 2018. Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM), Bilthoven. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.21945/RIVM-2019-0185>
- VNV, 2017. Risico classificeren en beheersen HEV in vleeswaren. Vereniging voor de Nederlandse Vleeswarenindustrie (ed.).
- Voedingscentrum, 2018. Voedingsadvies voor risicogroepen ter voorkoming van een infectie met het hepatitis E virus. 2 pp. Beschikbaar online: <https://www.voedingscentrum.nl/Assets/Uploads/voedingscentrum/Documents/Professionals/Ziekten/hevinfo.pdf>

- Voedingscentrum, geen jaar. Gezond, duurzaam en veilig eten [Webpagina]. Beschikbaar online: <https://www.voedingscentrum.nl/nl.aspx>
- Wallander C, Frössling J, Vågsholm I, Uggla A & Lundén A, 2015. *Toxoplasma gondii* seroprevalence in wild boars (*Sus scrofa*) in Sweden and evaluation of ELISA test performance. *Epidemiology and Infection*, 143 (9), 1913-1921. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1017/S0950268814002891>
- Wang H, Karlsson M, Lindberg M, Nystrom K & Norder H, 2019. Hepatitis E virus strains infecting Swedish domestic pigs are unique for each pig farm and remain in the farm for at least 2 years. *Transboundary and Emerging Diseases*, 66 (3), 1314-1323. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1111/tbed.13153>
- Wang H, Tay M, Palmer J & Flint S, 2017. Biofilm formation of *Yersinia enterocolitica* and its persistence following treatment with different sanitation agents. *Food Control*, 73, 433-437. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2016.08.033>
- Weindl L, Frank E, Ullrich U, Heurich M, Kleta S, Ellerbroek L & Gareis M, 2016. *Listeria monocytogenes* in different specimens from healthy red deer and wild boars. *Foodborne Pathogens and Disease*, 13 (7), 391-397. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1089/fpd.2015.2061>
- Welchman D, Hooton JK & Low JC, 1997. Ocular disease associated with silage feeding and *Listeria monocytogenes* in fallow deer. *The Veterinary Record*, 140 (26), 684-685. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1136/vr.140.26.684>
- Wells GAH, Hawkins SAC, Austin AR, Ryder SJ, Done SH, Green RB, Dexter I, Dawson M & Kimberlin RH, 2003. Studies of the transmissibility of the agent of bovine spongiform encephalopathy to pigs. *Journal of General Virology*, 84 (Pt 4), 1021-1031. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1099/vir.0.18788-0>
- WFBR, 2018. Hayrapetyan H, van Bokhorst van de Veen H, Zwietering M, Janssens B & Nierop Groot M. Microbiologische gevaren gerelateerd aan consumptie van aardappelproducten: een literatuurstudie. WFBR rapport 1758. Wageningen Food & Biobased Research (WFBR), Wageningen, 90 pp. Beschikbaar online: <https://edepot.wur.nl/545778>
- Whitworth J, 2020. Salmonellosis, serotype Bovismorbificans - France: (Hauts-de-France) Romanian horse meat. Archive Number: 20200222.7014482. ProMed - International Society for Infectious Diseases. Beschikbaar online: <https://promedmail.org/promed-post/?id=20200222.7014482>
- WHO, 2015. WHO estimates of the global burden of foodborne diseases: foodborne disease burden epidemiology reference group 2007-2015. World Health Organization, 255 pp. Beschikbaar online: <https://apps.who.int/iris/handle/10665/199350>
- WHO, 2022a. Epidemic and pandemic-prone diseases [Webpagina]. Beschikbaar online: <http://www.emro.who.int/pandemic-epidemic-diseases/outbreaks/index.html> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- WHO, 2022b. Disability-adjusted life years (DALYs) [Webpagina]. Beschikbaar online: <https://www.who.int/data/gho/indicator-metadata-registry/imr-details/158>
- WHO & FAO, 2018. Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) and food: Attribution, characterization and monitoring. World Health Organization & Food and Agriculture Organization of the United Nations. Beschikbaar online: <https://apps.who.int/iris/handle/10665/272871>
- Wikipedia, 2022. Griep [Webpagina, 06-05-2022]. Beschikbaar online: <https://nl.wikipedia.org/wiki/Griep> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- Wilhelm B, Leblanc D, Houde A, Brassard J, Gagné MJ, Plante D, Bellon-Gagnon P, Jones TH, Muehlhauser V, Janecko N, Avery B, Rajić A & McEwen SA, 2014. Survey of Canadian retail pork chops and pork livers for detection of hepatitis E virus, norovirus, and rotavirus using real time RT-PCR. *International Journal of Food Microbiology*, 185, 33-40. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2014.05.006>
- Wilhelm B, Leblanc D, Leger D, Gow S, Deckert A, Pearl DL, Friendship R, Rajić A, Houde A & McEwen S, 2016. Farm-level prevalence and risk factors for detection of hepatitis E virus, porcine enteric calicivirus, and rotavirus in Canadian finisher pigs. *The Canadian Veterinary Journal*, 80 (2), 95-105. Beschikbaar online: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4836045/pdf/cjvr_04_95.pdf
- Wiszniewska-Łaszcznych A, Wysok B, Wojtacka J, Sztayn J, Michalski MM & Sołtysiuk M, 2019. High seroprevalence of *Toxoplasma gondii* antibodies in wild boars hunted in the Game Breeding Center in north-eastern Poland. *Medycyna Weterynaryjna*, 75 (12), 759-762. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.21521/mw.6345>

- WOAH-WAHIS, 2020. World Animal Health Information System - Disease situation [Webpagina]. World Organisation for Animal Health (founded as OIE). Beschikbaar online: <https://wahis.woah.org/#/dashboards/country-or-disease-dashboard> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- WOAH, 2018. Enzootic bovine leukosis. In: OIE Terrestrial Manual. World Organisation for Animal Health (founded as OIE), pp. 12. Beschikbaar online: https://www.woah.org/fileadmin/Home/eng/Health_standards/tahm/2.04.10_EBL.pdf
- Won SY, Kim YC, Kim SK & Jeong BH, 2019. The first report of genetic and structural diversities in the SPRN gene in the horse, an animal resistant to prion disease. *Genes*, 11 (1). Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3390/genes11010039>
- WUR, 2022. Runderleukose (enzoötische bovine leukose) [Webpagina]. Beschikbaar online: <https://www.wur.nl/web/show/id=10583425/langid=42> [Geraadpleegd: 01-06-2022].
- Yan B, Zhang L, Gong L, Lv J, Feng Y, Liu J, Song L, Xu Q, Jiang M & Xu A, 2016. Hepatitis E virus in yellow cattle, Shandong, Eastern China. *Emerging Infectious Diseases*, 22 (12), 2211-2212. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3201/eid2212.160641>
- Yang Y, Kelly PJ, Bai J, Zhang R & Wang C, 2016. First molecular characterization of Bovine Leukemia virus infections in the Caribbean. *PLoS ONE*, 11 (12), e0168379. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0168379>
- Yates A, 2011. *Salmonella* (non-typhoidal). In: Craig D & Bartholomaeus A (eds.), *Agents of foodborne illness*. Food Standards Australia New Zealand (FSANZ), Canberra, pp. 31-40. Beschikbaar online: <https://www.foodstandards.gov.au/publications/Documents/salmonella.pdf>
- Yugo DM & Meng XJ, 2013. Hepatitis E virus: foodborne, waterborne and zoonotic transmission. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 10 (10), 4507-4533. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.3390/ijerph10104507>
- Zhang J, 2011. The structural stability of wild-type horse prion protein. *Journal of Biomolecular Structure and Dynamics*, 29 (2), 369-377. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1080/07391102.2011.10507391>
- Ziemer CJ, Bonner JM, Cole D, Vinjé J, Constantini V, Goyal S, Gramer M, Mackie R, Meng XJ, Myers G & Saif LJ, 2010. Fate and transport of zoonotic, bacterial, viral, and parasitic pathogens during swine manure treatment, storage, and land application. *Journal of Animal Science*, 88 (13 Suppl), E84-94. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.2527/jas.2009-2331>
- Zomer T, Kramer I, Sikkema R, De Rosa M, Valkenburgh S, Friesema I, Roest H, van der Giessen J, van den Kerkhof H, Kortbeek L, van Pelt W, Braks M & Maassen K, 2015. Staat van Zoönosen 2014. RIVM rapport 2015-0151. Nederlandse Voedsel- en Warenautoriteit (NVWA) & Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM), Bilthoven, 88 pp. Beschikbaar online: <https://www.rivm.nl/bibliotheek/rapporten/2015-0151.pdf>
- Zomer T, Wit B, Graveland H, Jongenburger I, Tiggelhoven E, Hagen-Lenselink R, Kuijper E, Haenen A, Hengeveld P, Veenman C, Noomen R & Ruitenbeek van L, 2014. Surveillance zoönosen in de varkenshouderij in Nederland in 2013. RIVM, Bilthoven.
- Zweifel C, Zychowska MA & Stephan R, 2004. Prevalence and characteristics of Shiga toxin-producing *Escherichia coli*, *Salmonella* spp. and *Campylobacter* spp. isolated from slaughtered sheep in Switzerland. *International Journal of Food Microbiology*, 92 (1), 45-53. Beschikbaar online: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2003.07.005>

13.6 Annex

13.6.1 Gevareninventarisatie

Van het totaal aan geïnventariseerde gevaren (Tabel 13.1) is een selectie gemaakt om te komen tot de meest relevante gevaren die vanuit de Nederlandse roodvlees- en grofwildketen een risico voor de volksgezondheid in Nederland zouden kunnen vormen. Hiervoor zijn onderstaande exclusiecriteria gebruikt. Een pathogeen/gevaar is niet in deze risicobeoordeling opgenomen indien:

- i. Dieren uit de roodvlees- en grofwildketen geen reservoir zijn, vlees is slechts een vehikel;
- ii. De rol als ziekteverwekker (vanuit roodvlees- en grofwildketen) onvoldoende bekend is;
- iii. De pathogeen wel voorkomt voor bij dieren uit de roodvlees- en grofwildketen, maar
 - vlees geen rol speelt in de overdracht;
 - ziektegevallen in Nederland amper voorkomen;
 - het risico pas ontstaat tijdens de bereiding (consumentenfase).

Ad i) Dieren uit de roodvlees- en grofwildketen zijn geen reservoir, maar slechts een vehikel

Bacillus cereus, hepatitis A-virus en norovirus zijn micro-organismen die op roodvlees en grofwild worden aangetroffen in de keten. Ook zijn deze pathogenen bekend als veroorzaker van voedselgerelateerde uitbraken waarbij roodvlees en/of grofwild het vehikel was (Boxman et al., 2007; Robesyn et al., 2009; Friesema et al., 2019a). Roodvlees en grofwild vormen echter niet het oorspronkelijke reservoir van deze pathogenen. *B. cereus* komt algemeen voor in het milieu, zoals grond (US FDA, 2012) en besmet vanuit de omgeving het vlees(product). Hepatitis A-virus en norovirus hebben de mens als reservoir (RIVM, 2014b;2021b). *B. cereus*, hepatitis A-virus en norovirus vormen geen voedselveiligheidsgevaar vanuit de roodvlees- en grofwildketen zelf.

Ad iii) Rol als ziekteverwekker (vanuit roodvlees- en grofwildketen) onvoldoende bekend

Arcobacter spp. worden beschouwd als opkomend pathogeen (Collado & Figueras, 2011; Ramees et al., 2017; Fanelli et al., 2019) en worden aangetroffen op diverse levensmiddelen (Laishram et al., 2016; Rathlavath et al., 2017; Kim et al., 2019). De pathogeen komt voor bij (gezond) melkvee, varkens, schapen, geiten en paarden (Arguello et al., 2015; Shange et al., 2019). Consumptie van met *Arcobacter* besmet water of voedsel van dierlijke oorsprong (onder andere roodvlees) wordt beschouwd als de transmissieroute naar mensen, hoewel dit niet bewezen is (Collado & Figueras, 2011; Banting & Figueras Salvat, 2017). Over de epidemiologie, pathogenese, virulentie en klinische betekenis van *Arcobacter* spp. is relatief weinig bekend (Arguello et al., 2015). Vanwege deze onduidelijkheid worden *Arcobacter* spp. niet verder meegenomen als mogelijk relevant gevaar in deze risicobeoordeling.

Clostridioides difficile (voorheen *Clostridium difficile*) komt algemeen voor in de natuur en in het darmmicrobioom van zoogdieren, zoals voor de roodvleesketen relevante diersoorten als runderen, varkens en paarden. *C. difficile* is een opportunistisch pathogeen, infecties ontstaan vooral als het normale darmmicrobioom is verstoord, bijvoorbeeld na gebruik van antibiotica. Deze pathogeen is met name geassocieerd met zorginstellingen (ziekenhuis, verpleeghuis). De overdracht van *C. difficile* is feco-oraal, waarbij voedsel geen route lijkt te zijn (RIVM, 2014a; ECDC, 2022b). In Nederland en andere Europese landen vindt echter een verschuiving plaats van het type *C. difficile* dat bij patiënten wordt aangetroffen (type 078). Dit type wordt ten opzichte van de andere typen relatief vaker buiten het ziekenhuis opgelopen en is het type dat bij vee (varkens, koeien) het meeste voorkomt. Het is mogelijk dat hier wel een zoönotische overdracht plaatsvindt (RIVM, 2014a; ECDC, 2022b; GD, 2022b). De rol van dieren in het algemeen en voedsel in het bijzonder bij het ontstaan van een *C. difficile*-infectie bij de mens is echter onduidelijk. Deze pathogeen wordt daarom niet als voedselveiligheidsgevaar beschouwd vanuit de roodvlees- en grofwildketen.

Rotavirus heeft onder andere de mens als reservoir en binnen de roodvleesketen komt dit virus voor bij kalveren, biggen en varkens (Nabuurs et al., 1993; Machnowska et al., 2014; Wilhelm et al., 2016). Hoewel ook dieren ziek worden van dit virus, lijkt overdracht van dier naar mens amper voor te komen (RIVM, 2017). Op basis van de gerapporteerde ziektegevallen waarbij de bron van infectie bekend is, lijkt voedsel geen belangrijke besmettingsroute van de mens te zijn, hooguit via een besmette voedselbereider of besmet water (US FDA, 2012; RIVM, 2017). Wel komen rotavirus-stammen die ziekte bij varkens veroor-

zaken bij mensen voor en andersom. Studies naar het eventuele zoönotisch potentieel van rotavirus afkomstig van varkens geven nog geen duidelijkheid (Ziemer et al., 2010; Wilhelm et al., 2014). Vanwege deze onduidelijkheid wordt rotavirus op dit moment niet meegenomen als mogelijk relevant gevaar in deze risicobeoordeling.

Ad iii) Pathogeen komt wel voor bij dieren uit de roodvlees- en grofwildketen, maar vlees speelt geen rol in de overdracht of ziektegevallen komen in Nederland amper voor of het risico ontstaat pas tijdens de bereiding (consumentenfase)

C. botulinum is een sporenvormende bacterie die algemeen vóórkomt in de grond. De meest gangbare besmettingsroute naar de mens is via (zelf geweckt) voedsel, andere vormen zijn wondbotulisme en infantiel botulisme (RIVM, 2008; US FDA, 2012), aandoeningen die hier niet relevant zijn. Bij dieren komt botulisme regelmatig voor in Nederland, onder andere bij de voor de roodvleesketen relevante diersoorten runderen, schapen en paarden (Vlaanderen et al., 2020). Volgens de Gezondheidsdienst voor dieren (GD) worden jaarlijks zo'n 10 tot 20 rundveebedrijven getroffen, waarbij de besmette runderen bijna altijd komen te overlijden. Het gaat dan vaak om een type waar de mens (bijna) niet gevoelig voor is. Beheersing van *C. botulinum* in vlees(producten) vindt plaats door toevoeging van nitriet (colorozo). Humaan komt botulisme in Nederland heel weinig voor. In de afgelopen 10 jaar betrof het vier gevallen, waarvan twee voedselgerelateerd (BuRO, 2017a; Friesema et al., 2021). Het gevaar (*C. botulinum*) komt voor in de roodvlees- en grofwildketen maar wordt adequaat beheerst door toevoeging van nitriet. Hierdoor is het risico vanuit de roodvlees- en grofwildketen voor de volksgezondheid verwaarloosbaar. Hierin kan verandering optreden als er iets verandert met betrekking tot het gebruik van nitriet (zie hoofdstuk 15).

C. perfringens is een sporenvormende bacterie die algemeen vóórkomt in het spijsverteringskanaal van mens en dier (Brynestad & Granum, 2002; US FDA, 2012). Deze pathogeen is geassocieerd met niet-voedgerelateerde diarreeziekte bij verschillende (jonge) dieren (Stämpfli, 2022) en komt bij dieren in de roodvlees- en grofwildketen voor. Bij de mens ontstaan uitbraken en ziektegevallen veroorzaakt door *C. perfringens* na ingestie van hoge aantallen cellen of sporen. Dit gebeurt alleen als voedsel te lang bij te hoge temperatuur is bewaard, zodat uitgroei van *C. perfringens* in het product heeft kunnen plaatsvinden (EFSA BIOHAZ Panel, 2005; US FDA, 2012). Gerechten die bij uitbraken betrokken zijn, zijn meestal vleesbevattende gerechten die te langzaam zijn afgekoeld, of niet goed werden warm gehouden. Het gevaar (*C. perfringens*) komt wel mee met het vlees (en ook via andere ingrediënten), maar het risico ontstaat pas tijdens het bereidingsproces door de bereider (grote cateraar, consument). Voor de roodvlees- en grofwildketen is *C. perfringens* geen specifiek te beheersen gevaar.

Coxiella burnetii is een bacterie uit de orde *Legionellales* en is de verwekker van Q-koorts. In Nederland zijn vooral besmette melkgeiten en -schapen de bron van besmetting voor de mens. Q-koorts wordt (voornamelijk) via de lucht overgedragen. De pathogeen komt voor in melk en zuivelproducten, maar er is geen overtuigend bewijs dat consumptie van rauwe melk of zuivel tot ziekteverschijnselen leidt. Vlees wordt niet geassocieerd met *C. burnetii* (EFSA BIOHAZ Panel, 2013f; RIVM, 2018a). *C. burnetii* wordt daarom niet beschouwd als voedselveiligheidsgevaar vanuit de roodvlees- en grofwildketen.

Mycobacterium bovis behoort tot het *Mycobacterium tuberculosis*-complex en is de verwekker van runder-tuberculose. *M. bovis* veroorzaakt ziekte bij zowel dier als mens. Runderen zijn het belangrijkste reservoir (RIVM, 2019c), maar de bacterie wordt ook bij kleine herkauwers aangetroffen (EFSA BIOHAZ Panel, 2013f). Overdracht van dier naar mens gaat voornamelijk via consumptie van besmette rauwe melk of kaas (Vlaanderen et al., 2020) en dus niet via de consumptie van vlees. Ook vindt nauwelijks besmetting via de lucht (zoals bij *M. tuberculosis*) plaats, zoals bijvoorbeeld in het slachthuis via aerosolen (Vlaanderen et al., 2020). De pathogeen is daarom wel van belang voor de vleeskeuring (zie hoofdstuk 1), maar *M. bovis* vormt via de roodvlees- en grofwildketen geen voedselveiligheidsgevaar.

Mycobacterium caprae behoort ook tot het *Mycobacterium tuberculosis*-complex en veroorzaakt eveneens ziekte bij zowel dier als mens. *M. caprae* is verantwoordelijk voor een klein deel van de humane tuberculose-gevallen (0,3%). Risicofactoren zijn werkzaam zijn in de landbouw, consumptie van rauwe zuivelproducten en leven in landelijk gebied (Prodinger et al., 2014). *M. caprae* speelt in Nederland

nauwelijks een rol (Vlaanderen et al., 2020). *M. caprae* wordt daarom niet als voedselveiligheidsgevaar beschouwd vanuit de roodvlees- en grofwildketen.

Mycobacterium avium komt bij varkens voor en behoort tot het *Mycobacterium avium*-complex. In eerdere risicobeoordelingen met betrekking tot deze pathogenengroep is door BuRO beoordeeld dat het risico van de meest humaan belangrijke bacterie uit dit complex zijnde *Mycobacterium avium hominissuis* in varkensvlees(producten) voor de volksgezondheid waarschijnlijk verwaarloosbaar is (BuRO, 2012;2017b).

Mycobacterium avium subsp. *paratuberculosis* (MAP) veroorzaakt paratuberculose (para-tbc), een ongeneeslijke darmontsteking die vooral bij herkauwers vóórkomt. Humaan werd jarenlang een mogelijke relatie gelegd tussen para-tbc bij dieren en een soortgelijke aandoening bij mensen: de ziekte van Crohn. Dit verband is nooit met zekerheid vastgesteld (FAVV, 2013) en er is nog steeds geen bewijs dat er een causaal verband bestaat (FSAI, 2021). *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* wordt daarom niet als humaan pathogeen beschouwd en is dus niet relevant voor de humane ziektelast.

Alaria spp. zijn trematoden (Nederlands: bot), oftewel niet gesegmenteerde platwormen (plathelminthen). In Europa komt alleen de soort *A. alata* voor onder andere bij wilde zwijnen (ANSES, 2015; Korpysa-Dzirba et al., 2021). Wild zwijn is een paratenische (accidentele) tussengastheer van deze parasiet, wat betekent dat het een tussengastheer kan zijn, maar dat het geen tussengastheer is die essentieel is voor de cyclus. Hondachtigen (met name vos) zijn eindgastheer, met een waterslak en een amfibie (onder andere kikker) als eerste respectievelijk tweede tussengastheer. Humane alariose is zeldzaam. Alleen in Noord-Amerika zijn enkele gevallen (n=7) beschreven met *Alaria* spp. die daar vóórkomen. In geen van de gevallen was *A. alata* de veroorzaker, of vlees van wild zwijn de bron. Ondanks dat in Europa actieve transmissiecyclus van deze parasiet bestaan en mesocercariae van deze parasiet bij wilde zwijnen zijn aangetoond, zijn nog nooit gevallen van *A. alata* bij mensen zijn beschreven. Op basis van beschikbare gegevens wordt daarom door ANSES geconcludeerd dat het zoönotisch karakter van *A. alata* niet bewezen is. Het valt echter ook niet helemaal uit te sluiten (ANSES, 2015). Het risico voor de volksgezondheid door de aanwezigheid van mesocercariae van *A. alata* in (zwijnen)vlees wordt als verwaarloosbaar beoordeeld.

Cryptosporidium is een parasiet die vóórkomt bij verschillende diersoorten, zoals vissen, reptielen en zoogdieren, waaronder voor deze risicobeoordeling relevante dieren: rund, schaap, geit. Ziektegevallen in Nederland worden voornamelijk veroorzaakt door *C. hominis* en *C. parvum* (RIVM, 2012). *C. hominis* heeft de mens als reservoir, al komt deze parasiet ook soms voor bij runderen en schapen. *C. parvum* heeft het rund als belangrijkste gastheer en komt met name bij jonge kalveren voor. Een *Cryptosporidium*-besmetting vindt plaats via feco-oraal contact. Dit kan door direct contact tussen mens en dier, of van mens op mens zijn, of indirect door besmet drinkwater, oppervlaktewater, zwembadwater of via voedsel dat besmet is door water (rauwe groenten en fruit). Overdracht kan echter ook plaatsvinden via een geïnfecteerde voedselbereider. In Nederland is de mens de belangrijkste bron van *Cryptosporidium*-infecties (RIVM, 2012). Op dit moment is geen bewijs dat *C. parvum* via rundvlees ziekte bij de mens veroorzaakt (EFSA BIOHAZ Panel, 2013d). *Cryptosporidium* wordt daarom niet als voedselveiligheidsgevaar beschouwd vanuit de roodvlees- en grofwildketen.

Echinococcus granulosus is een parasiet (lintworm) die vóórkomt bij schapen, varkens, runderen en geiten. Deze dieren zijn tussengastheer, de hond is de eindgastheer. De mens raakt geïnfecteerd door eitjes van deze lintworm afkomstig van de hond, niet door het eten van besmet vlees (RIVM, 2000). Deze parasiet vormt dus vanuit de roodvlees- en grofwildketen geen voedselveiligheidsrisico.

Fasciola hepatica (leverbot) is een trematode. De typische eindgastheren zijn herkauwers (runderen, schapen), maar ook de mens kan eindgastheer zijn. Herkauwers zijn voor de mens echter geen bron van infectie, omdat *F. hepatica* in deze dieren niet in het infectieuze stadium is. Deze parasiet vormt dus vanuit de roodvlees- en grofwildketen geen voedselveiligheidsrisico (RIVM, 2011b).

Giardia is een eencellige darmparasiet. Er is maar één *Giardia* soort, *G. lamblia* (synoniemen *G. duodenalis*, *G. intestinalis* bij dieren). Binnen deze soort worden verschillende assemblages of genotypen onderscheiden van wie de assemblages A en B infectieus zijn voor de mens. *Giardia* komt voor bij landbouw-

huisdieren, gezelschapsdieren en wilde dieren (RIVM, 2019f). De mens loopt een *Giardia*-infectie vooral op via de feco-orale route, waaronder via met feces gecontamineerd voedsel of water. Ook vindt directe mens-op-mens besmetting plaats. Met name deze laatste route lijkt in Nederland het belangrijkste te zijn (RIVM, 2019f; Lagerweij et al., 2020). Bij de mens komen vooral assemblage A en B voor, bij dieren met name de andere assemblages. Bij runderen komt bijvoorbeeld vooral assemblage E voor. Dat runderen een rol spelen bij de ziekte die *G. lamblia* humaan veroorzaakt lijkt daarmee discutabel (BuRO, 2017a). Ook is er geen bewijs dat *Giardia* via rundvlees ziekte bij de mens veroorzaakt (EFSA BIOHAZ Panel, 2013d). Of dieren überhaupt een rol spelen in de besmetting van de mens, is nog onduidelijk (RIVM, 2019f). *Giardia* wordt om die reden niet als voedselveiligheidsgevaar beschouwd vanuit de roodvlees- en grofwildketen.

Staphylococcus aureus dragerschap op huid en slijmvliezen komt voor bij een groot deel (30%) van de mensen en ook bij zoogdieren en vogels (RIVM, 2018c). Deze pathogeen veroorzaakt voedselvergiftigingen. *S. aureus* is bij koeien een verwekker van mastitis en komt in rauwe melk voor. Bij de bereiding van kaas kan deze pathogeen een voedselveiligheidsrisico vormen (BuRO, 2017a). Voor alle andere voedselketens geldt dat introductie en uitgroei vooral afhankelijk is van menselijk handelen (de Jong et al., 2004; Omer et al., 2018; RIVM, 2018c). *S. aureus* vormt vanuit de roodvlees- en grofwildketen zelf geen voedselveiligheidsgevaar.

Naast het veroorzaken van voedselvergiftiging, is *S. aureus* ook bekend als veroorzaker van huidinfecties en invasieve infecties (RIVM, 2018c). Zeker wanneer de multiresistente variant van deze pathogeen, bekend als methicilline-resistente *S. aureus* (MRSA), de veroorzaker is van dergelijke infecties, is behandeling moeilijk. MRSA is een bekend probleem in ziekenhuizen, deze variant wordt *hospital-acquired* MRSA genoemd en kan vrijwel als een aparte entiteit beschouwd worden (RIVM, 2018c). Een ander reservoir van MRSA zijn landbouwhuisdieren, waaronder varkens, vleeskalveren en paarden. Deze *livestock-associated*-MRSA wordt bij het onderdeel 'Hz Antimicrobiële resistentie' behandeld.

Trichinella (trichinen) zijn parasitaire rondwormen die bij veel diersoorten (inclusief de mens) vóórkomen. Voor de mens is *T. spiralis* de belangrijkste soort en is (niet voldoende verhit) vlees van besmet varken, wild zwijn en paard de belangrijkste besmettingsroute. Herkauwers (koe, geit, schaap, hert) spelen geen rol in de epidemiologie. De symptomen van trichinellose variëren van mild (gastro-enteritis) tot ernstig (heftige ziekte met hoge koorts, eosinofilie, oedeem, spierpijn, encefalitis en myocarditis) en kunnen de dood tot gevolg hebben. De kans op sterfte is laag (<1:1000) tot hoog (>1:100) afhankelijk van de ingenomen hoeveelheid larven (van Kreijl et al., 2004). De ziekte last van *Trichinella* in Europa is 0,1 DALY per ziektegeval (WHO, 2015).

Trichinellose bij de mens komt in Nederland amper voor. In de periode 2015-2019 werd bij 1 patiënt trichinellose vastgesteld. Deze patiënt had de besmetting in het buitenland (Kenia) opgelopen (Uiterwijk et al., 2016; Uiterwijk et al., 2017; Uiterwijk et al., 2018; Vlaanderen et al., 2019; Vlaanderen et al., 2020). Door de risicobeperkende factoren en alle controle die er plaatsvindt, is in Nederland de enige blootstellingsroute aan trichinen die van jagers door de consumptie van eigen geschoten, ongekeurd vlees van wild zwijn. Tijdens de jachtopleiding wordt hier aandacht aan besteed (persoonlijke communicatie NVWA-KEU). De kans op blootstelling aan een besmet wild zwijn is laag (0,02%), maar de gevolgen kunnen ernstig zijn. Het risico dat *Trichinella* vormt voor de volksgezondheid wordt door BuRO beoordeeld als erg laag, maar niet verwaarloosbaar. Het betreft echter een zeer beperkte groep die kan worden blootgesteld en die via voorlichting op dit risico wordt gewezen.

Een van de risicobeperkende factoren met betrekking tot het vóórkomen van *Trichinella* is de goede huisvesting van varkens in Nederland en veel andere EU-landen die er voor zorgt dat in de intensieve veehouderij het risico van *Trichinella* spp. minimaal is. Dit geldt niet voor dieren die (deels) buiten lopen (bijvoorbeeld biologische of scharrelvarkenshouderij). Ook het verbod op het voeren van keukenafval draagt bij aan het voorkómen van besmetting van varkens. In Nederland komen *Trichinella* spp. wel endemisch voor in gevoelige wilde omnivore en carnivore dieren (wildcyclus; vossen, dassen, wasbeerhonden, knaagdieren). De populatie wasbeerhonden is nog klein maar neemt toe in Nederland, de kans op besmetting met *T. spiralis* via de wasbeerhond wordt door BuRO als klein ingeschat (BuRO, 2019a).

De Nederlandse varkensstapel is sinds 1926 vrij van *T. spiralis* (RIVM, 2010b;2019e). Vanwege de ernst van de aandoening - en het feit dat van één besmet karkas vele mensen ziek kunnen worden - stelt EU-wetgeving het testen van consumptiedieren die gevoelig zijn voor *Trichinella* spp. verplicht. Aanvullend is in de Nederlandse wetgeving vastgelegd dat ook door jagers geschoten wilde zwijnen die in de handel worden gebracht op trichinen moeten worden onderzocht (Besluit dierlijke producten). Sinds 2015 hoeven slachtvarkens die onder gecontroleerde condities gehouden zijn ('*controlled housing*') in principe niet meer getest te worden volgens EU-wetgeving (Uitvoeringsverordening (EU) 2015/1375). In Nederland worden echter alle varkens, paarden en wilde zwijnen die voor de slacht worden aangeboden (inclusief de wilde zwijnen die in de handel worden gebracht) op *Trichinella* onderzocht. In de periode 2015-2019 werd geen *Trichinella* aangetroffen bij varkens (>47 miljoen dieren onderzocht) en paarden (circa 9.000 dieren). Van de onderzochte wilde zwijnen (circa 17.600 dieren) waren er drie (0,02%) positief.

13.6.2 Gevarenkarakterisatie

Tabel 13.16 Overzicht van relevante (groei)factoren van pathogene micro-organismen die relevant zijn voor de roodvlees- en grofwildketen in Nederland (bron: (US FDA, 2012;2019)).

| Micro-organisme | Gram | Temp (°C) | | pH ¹ | | Aw ² | | % zout in waterfase | O ₂ ³ | Groei nodig ⁴ | ID ⁵ | Ziek door inname | Toxine | Aanvullende ref. |
|----------------------------------|--|-----------|------|-----------------|-----|-----------------|-----|---------------------|-----------------------------|--|--|------------------|--------|------------------|
| | | min | max | min | max | min | max | | | | | | | |
| <i>C. jejuni</i> | - | 30 | 45 | 4,9 | 9,5 | 0,987 | 1,7 | ± | Nee | >500 cellen | >500 cellen | Cellen | Nvt | |
| <i>L. monocytogenes</i> | + | -0,4 | 45 | 4 | 9,4 | 0,92 | 10 | -/+ | Nee/Ja | ±10 ³ -10 ⁴ cellen | ±10 ³ -10 ⁴ cellen | Cellen | Nvt | |
| <i>Salmonella spp.</i> | - | 5,2 | 46,2 | 3,7 | 9,5 | 0,93 | 8 | -/+ | Nee | >1 cellen | >1 cellen | Cellen | Nvt | (Yates, 2011) |
| STEC | - | 6,5 | 49,4 | 4 | 10 | 0,95 | 6,5 | -/+ | Nee | ±10-100 cellen | ±10-100 cellen | Cellen | Nvt | |
| <i>Yersinia enterocolitica</i> | - | -1,3 | 42 | 4,2 | 10 | 0,945 | 7 | -/+ | Ja | ±10 ⁴ -10 ⁶ cellen | ±10 ⁴ -10 ⁶ cellen | Cellen | Nvt | |
| Virussen & parasieten | Humaan pathogene virussen en parasieten kunnen niet uitgroeien buiten hun levende gastheer. Er vindt daarom geen toename plaats in levensmiddelen. Dit geldt ook voor prionen. | | | | | | | | | | | | | |

¹ pH: zuurgraad, het minimum en maximum is gegeven, het optimum ligt veelal tussen pH 6-7

² Aw: wateractiviteit

³ O₂: zuurstof nodig voor groei; - : strikt anaeroob, ± : micro-aerofiel, + : strikt aeroob: -/+ : zowel aerobe als anaerobe groei (facultatief anaeroob)

⁴ Groei nodig in product om ziekteverschijnselen bij de mens te kunnen veroorzaken i.v.m. bereiken van relevante concentratie cellen of om toxine te produceren

⁵ ID: "infectieuze dosis". Dit zijn vaak schattingen, waarbij de waardes afhankelijk zijn van onder andere gastheer, matrix en stam. Indicatief of kans op ziekte al relevant is bij lage concentratie cellen in product of niet.

Tabel 13.17 Gemiddelde ziektelast in DALY (undiscounted) per ziektegeval in Nederland in 2019 (Lagerweij et al., 2020).

| Pathoogeen | Gemiddelde DALY (undiscounted) per ziektegeval in Nederland | Score Ernst [§] |
|--|---|--------------------------|
| <i>Campylobacter</i> spp. | 0,05 | middelmatig |
| STEC O157 | 0,07 | middelmatig |
| <i>Salmonella</i> spp. | 0,04 | middelmatig |
| <i>Listeria monocytogenes</i> (totaal) | 1,6 | erg hoog |
| zwangerschapsgelateerd | 10 | |
| niet-zwangerschapsgelateerd | 1,3 | |
| <i>Yersinia</i> spp. | 0,04* | middelmatig |
| <i>B. cereus</i> toxine | 0,001 | laag |
| <i>C. perfringens</i> toxine | 0,001 | laag |
| <i>S. aureus</i> toxine | 0,001 | laag |
| Norovirus | 0,003 | laag |
| Rotavirus | 0,005 | laag |
| Hepatitis A virus | 0,11 | hoog |
| Hepatitis E virus | 0,4 | hoog |
| <i>Cryptosporidium</i> spp. | 0,002 | laag |
| <i>Giardia</i> spp. | 0,003 | laag |
| <i>Toxoplasma gondii</i> (totaal) | 2,4 | erg hoog |
| zwangerschapsgelateerd | 5 | |
| niet-zwangerschapsgelateerd | 0,7 | |
| <i>Taenia solium</i> | 7,5 [@] | erg hoog |
| Prionen (vCJD) | 35,81 [#] | erg hoog |

§ Score van de ernst van de ziekte overeenkomstig de EFSA-systematiek (EFSA BIOHAZ Panel, 2013a).

* Schatting uit Denemarken (Pires et al., 2020)

@ De ziektelast verschilt per mondiale regio, dit is het mondiale gemiddelde (WHO, 2015)

Schatting uit 2007-2011, de laatste jaren zijn er geen ziektegevallen meer van vCJD in Nederland (van Lier et al., 2016)

13.6.3 Blootstellingsschatting

Voor deze risicobeoordeling is voor de blootstellingsschatting gebruik gemaakt van gegevens uit de periode 2015-2019 van verschillende instanties die (van overheidswege) onderzoek doen naar het vóórkomen van pathogenen in de roodvlees- en grofwildketen in Nederland. Deze data zijn afkomstig van de NVWA (i.s.m. WFSR) en de GD, VMDC en DWHC en zijn aangevuld met rapportages van het RIVM over surveillance van zoönosen bij landbouwhuisdieren (uitgevoerd in opdracht van en i.s.m. NVWA: varken (Zomer et al., 2014), melkvee (Cuperus et al., 2022), vleesvee (Cuperus et al., 2019), melkgeiten en melkschapen (Opsteegh et al., 2018)). De meeste van deze gegevens zijn (ook) gerapporteerd aan EFSA. Ze zijn onder andere terug te vinden in de landenrapportages van Nederland die EFSA maakt naar aanleiding van de jaarlijkse rapportage over “trends en bronnen van zoönosen en zoönoseverwekkers in voedsel, dieren en diervoer” (EFSA, 2016a;2017c;2018a;2019^e;2020a). De gegevens zijn geaggregeerd weergegeven in verschillende tabellen. Er zijn tabellen per pathoogeen (Tabel 13.2 t/m Tabel 13.15) en tabellen per diersoort (Tabel 13.21 t/m Tabel 13.24).

De data van de NVWA betreft toezichtsgegevens van de resultaten van het microbiologisch onderzoek van levensmiddelen in de periode 2015-2019. De volgende indeling van hoofdcategorieën is hiervoor aangehouden: karkas, vers vlees, gehakt vlees, vleeswaar (Tabel 13.18). Hierbij is in principe gebruik gemaakt van de definities uit Verordening (EG) nr. 853/2004 (Tabel 13.19). Er zitten echter nuanceverschillen tussen de gebruikte indeling en de definities uit de EU-wetgeving. Onder vers vlees is ook vers vlees met toevoegingen gerekend. Ditzelfde geldt voor gehakt vlees. Onder deze categorie valt gehakt en producten daarvan gemaakt. Feitelijk zijn dit (bijna) altijd vleesbereidingen op basis van vers vlees respectievelijk gehakt vlees, omdat er toevoegingen

(onder andere conserveermiddel) aan zijn gedaan. Er is voor deze afwijkende indeling gekozen, omdat 1) het praktisch gezien uit de metadata van de monsters vaak niet duidelijk is of er toevoegingen aan het vlees zijn gedaan en 2) de mate waarin het vlees gesneden is (hele lappen, blokjes, vermalen) invloed heeft op de microbiologische kwaliteit / kwetsbaarheid van het product. Vleeswaar is een Nederlands begrip. In deze categorie is onderscheid gemaakt tussen rauw te consumeren vleeswaar (waarin een verdere opdeling is gemaakt in gehakt vlees en vers vlees), gedroogde en/of gefermenteerde worst (broodbeleg, hele worsten) en verhitte vleeswaar.

De indeling is niet zuiver naar de EU-wetgeving. Een gepaneerde schnitzel zal ook schnitzels van plakvlees omvatten (gehakt vlees), dat onderscheid is echter uit de metadata niet te maken. Shoarma is ook gehakt vlees, maar geen gehakt zoals we dat in Nederland kennen. De keus is gemaakt dit bij vers vlees in te delen, omdat dit vlees minder is vermalen dan gehakt. Rauwe vleesproducten zoals rauwe ham en bacon zijn niet veel bemonsterd en onderzocht en niet apart als categorie in de tabellen opgenomen, ze staan bij "vleeswaar".

De data van de GD betreft onder andere pathologisch onderzoek op ingezonden kadavers. Dit onderzoek omvat per diersoort een standaard set aan pathogenen. In die zin is het niet-selectief onderzoek. Het betreft echter een niet-random selectie van de dierpopulatie (gestorven dieren), zodat de data geen beeld geven van de prevalentie van een pathogeen in de totale populatie. Omdat het onderzoek jaarlijks op deze wijze wordt uitgevoerd, geeft het wel informatie over een toename of afname in de dierpopulatie, al is hier voor deze risicobeoordeling niet naar gekeken. De analyses die zijn aangemerkt als "klinisch verdacht" (circa 100 monsters) zijn niet in de analyse meegenomen, omdat dit onderzoek betreft gericht op een verdenking. Het betreft dezelfde pathogenen als in het standaardonderzoek en de data geven geen extra informatie die niet ook uit de "niet-selectieve" onderzoeken naar voren komen.

Tabel 13.18 Gebruikte indeling van vleescategorieën in deze risicobeoordeling.

| Product | Product-subtype | Voorbeelden |
|---|-------------------------|---|
| Karakas | Karkas | |
| Vers vlees (incl. vleesbereidingen) | Vers vlees | Biefstuk, speklap, filetlapje, schnitzel, lever, orgaanvlees |
| | Vleesbereiding | Gekruid, gemarineerd, gepaneerd vers vlees; shoarma, gyros |
| Gehakt vlees (incl. vleesbereidingen) | Gehakt vlees | Gehakt, hamburgers, soepballetjes, gehaktbal, boomstammetje, incl. gekruid (vleesbereidingen) |
| | Tartaar/Duitse biefstuk | |
| | Verse worst | Braadworst, saucijs, chipolataworst, verse rookworst |
| Vleeswaar (rauw te consumeren) | Gehakt vlees | Filet americain, ossenworst, likkepot |
| | Vers vlees | Carpaccio, rosbeef |
| Vleeswaar | Droge / gef. worst | Salami, cervelaat, metworst (broodbeleg); gedroogde worst, chorizo, fuet (hele worst) |
| | | Vnl. verhitte vleesproducten: ham, boterhamworst |
| | Lever | Paté, leverworst |

Tabel 13.19 Definities van verschillende typen vleescategorieën uit Vo. (EG) nr. 853/2004.

| Product | Definitie |
|-----------------------|--|
| Karakas | Het hele slachtdier na slachting en uitslaching |
| Vers vlees | Vlees dat, buiten de koel- of vriesbehandeling, geen enkele behandeling heeft ondergaan om de houdbaarheid te bevorderen, met inbegrip van vacuümverpakt vlees of vlees in CA-verpakking (gecontroleerde atmosfeer) |
| Vleesbereiding | Vers vlees, met inbegrip van vlees dat in kleine stukken is gehakt, waaraan levensmiddelen, kruiden of additieven zijn toegevoegd of dat een verwerking heeft ondergaan die niet volstaat om de inwendige spierweefselstructuur van het vlees te veranderen en daardoor de kenmerken van vers vlees te doen verdwijnen |
| Gehakt vlees | Vlees zonder been, dat in kleine stukken is gehakt en minder dan 1% zout bevat |

13.6.3.1 Prevalentiegegevens in de keten – per diersoort

Varken en wild zwijn

Tabel 13.20 Pathogenen in de varkens- en wild zwijketen. Data GD (#), WBVR (@), NVWA/WFSR (levensmiddelen: detectie in 25 gram[§]) en producent; 2015-2019.

| Ketenschakel | Product | Campylobacter | | Listeria | | Salmonella | | STEC | | Yersinia | | HEV [§] | | |
|--------------|---------------------------------------|-------------------------------|--------|----------|--------|------------|---------|----------|-------|----------|--------|------------------|-------|-------|
| | | Totaal | %Pos | Totaal | %Pos | Totaal | %Pos | Totaal | %Pos | Totaal | %Pos | Totaal | %Pos | |
| Boerderij | Dier# | varken (bloed) | | | | 189.520 | 37,6% | | | | | | | |
| | | big (path) | 6.973 | 0% | 6.973 | 0% | 7.572 | 15,6% | | | 6.973 | 0,1% | | |
| | | varken (path) | 4.874 | 0% | 4.874 | 0% | | | | | 4.874 | 0% | | |
| | Dier (bedrijf)* | varken (feces) | | 148 | 75,7% | 148 | 9,5% | 147 | 58,5% | | | | | |
| Slachthuis | Caeca@ | varken 2010-2014 | | | | | | | | | | 624 | 22,8% | |
| | | Varken 2015-2019 | | | | | | | | | | 680 | 25,3% | |
| | Karkas | varken (400 cm ²) | | | | 2.296 | 6,9% | | | | | | | |
| | Karkas (producent) | varken (400 cm ²) | | | | 29.401 | 4,0% | | | | | | | |
| | Karkas (export) | varken (400 cm ²) | | | | 84 | 3,6% | | | | | | | |
| Retail | Bloedproducten [§] | - vloeibaar | varken | | | | | | | | | | 36 | 91,7% |
| | | - poeder | varken | | | | | | | | | | 24 | 29,0% |
| | Vers vlees (incl. vleesbereidingen) | varken | | 1.324 | 0,4% | 80 | 6,3% | 2.549 | 0,9% | 305 | 0% | 98 | 0% | |
| | | varken (lever) | | | | | | | | | | 309 | 15,2% | |
| | | wild zwijn | | | | | | | | | | 52 | 0% | |
| | Gehakt vlees (incl. vleesbereidingen) | varken | | 1 | 0% | | | 505 | 0,8% | 242 | 0,8% | 103 | 0% | |
| | Vleeswaar - rauw te consumeren | varken | | | | 6 | 0% | 4 | 0% | 4 | 0,0% | | | |
| | Vleeswaar - droge / gef. worst | varken | | | | 28 | 7,1% | | | | | 316 | 14,6% | |
| | Vleeswaar | varken | | | | 351 | 0,9% | | | | | 189 [£] | 69,8% | |
| | | Totaal GD | 13.260 | 0,6% | 12.312 | 0,1% | 197.092 | 36,7% | | | 11.847 | 0% | | |
| | Totaal WBVR | | | | | | | | | | | 1.304 | 24,1% | |
| | Totaal NVWA | 1.413 | 5,2% | 465 | 2,2% | 5.526 | 3,6% | 636 | 8,2% | | | 1.227 | 21,6% | |
| Mens* | Ziektegevallen (2019) | | | 1.250 | | 5 | | 2.620 | | 70** | | 117 | | |
| | Ziekteelast (2019) | | | 57 DALY | | 8 DALY | | 111 DALY | | 5 DALY** | | 46 DALY | | |

Data GD; path: pathologie, @ Data WBVR, * Data NVWA/WFSR & RIVM uit 2019-2020, § Wild zwijn (gekweekt/wild), [£] Voor HEV is afwijkende hoeveelheid monstermateriaal onderzocht: 5 gram droge/gefermenteerde worst; 0,3 gram vers vlees, gehakt vlees en vleeswaar; 0,2 g bloedproduct; 0,1 gram lever, [§] Betreft batches, [£] Bij HEV betrof dit alleen producten met lever erin (paté, leverworst), * Ziekteelast-schattingen 2019 op basis van methodiek 2020 (Lagerweij et al. (2020) aangepast op basis van Benincà et al. (2021)); zie 13.6.3.5.3 Incidentie- en ziekteelast-schattingen), ** Alleen STEC O157

Tabel 13.21 Pathogenen in de runderketen. Data van GD[§], RIVM[#] en NVWA/WFSR (levensmiddelen: detectie in 25 gram); 2015-2019.

| Ketenschakel | Product | Campylobacter | | Listeria | | Salmonella | | STEC | | Yersinia | | Toxoplasma | | |
|--------------------------------------|---------------------------------------|-----------------------------|-----------------|----------|--------|------------|---------|--------|-----------|----------|--------|------------|----------|------|
| | | Totaal | % Pos | Totaal | % Pos | Totaal | % Pos | Totaal | % Pos | Totaal | % Pos | Totaal | % Pos | |
| Boerderij | Dier | feces [§] | | | | 49.093 | 6,5% | | | 37.554 | 0,0% | | | |
| | | melk [§] | | | 37.554 | 0,0% | | | | 12.700 | 0,1% | | | |
| | | pathologie [§] | 12.742 | 0,0% | 12.700 | 0,4% | 12.826 | 7,1% | | | | | | |
| | | karkas [#] | | | | | | | | | | | 100 | 2,0% |
| | Dier (vleesstier; bedrijf) | feces | 196 | 83,7% | | | 196 | 3,6% | 194 | 25,3% | | | | |
| Dier (melkvee; bedrijf) [§] | feces | 181 | 90,6% | 181 | 33,7% | 183 | 2,2% | 182 | 21,4% | | | | | |
| Slachthuis | Karkas | (400 cm ²) | | | | 105 | 0,0% | | | | | | | |
| | Karkas | kalf (400 cm ²) | | | | 42 | 4,8% | | | | | | | |
| | Karkas (export) | kalf (400 cm ²) | | | | 48 | 4,2% | | | | | | | |
| Groothandel / opslag | Vers vlees (import) | | | 79 | 22,8% | 80 | 0,0% | 80 | 11,3% | | | | | |
| Retail | Vers vlees (incl. vleesbereidingen) | | 1.016 | 0,4% | 1.164 | 8,8% | 1.708 | 0,4% | 1.721 | 2,0% | | | | |
| | Gehakt vlees (incl. vleesbereidingen) | | 10 | 0,0% | | | 1.128 | 0,9% | 1.135 | 5,1% | | | | |
| | Vleeswaar - rauw te consumeren | | | | 1.210 | 7,5% | 1.172 | 0,3% | 1.172 | 1,4% | | | | |
| | Vleeswaar - droge/geferm. worst | | | | 7 | 0,0% | | | | | | | | |
| | Vleeswaar | | | | 53 | 1,9% | | | | | | | | |
| | Totaal GD | | 18.682 | 0,0% | 50.254 | 0,1% | 61.919 | 6,7% | | | 50.254 | 0,0% | 100 | 2,0% |
| | Totaal NVWA | | 1.403 | 23,7% | 2.696 | 10,2% | 4.662 | 0,8% | 4.484 | 4,6% | | | | |
| Mens* | Ziektegevallen (2019) | | 8.000 | | 6 | | 900 | | 500** | | | | 98 | |
| | Ziektelast (2019) | | 361 DALY | | 9 DALY | | 38 DALY | | 36 DALY** | | | | 240 DALY | |

[§] Data GD, # Data RIVM[§] Data uit 2020-2021, maar vanwege relevantie meegenomen in deze risicobeoordeling

* Ziektelast-schattingen 2019 o.v.b. methodiek 2020 (Lagerweij et al. (2020) aangepast o.b.v. Benincà et al. (2021)); zie 1.4.3.6.3 Incidentie- en ziektelast-schattingen) uitgedrukt in DALY; betreft rund- en lamsvlees samen

** Alleen STEC O157

Kleine herkauwers

Tabel 13.22 Pathogenen in de schaapsketen. Data GD (#), NVWA/WFSR (levensmiddelen: detectie in 25 gram); 2015-2019.

| Ketenschakel | Product | Campylobacter | | Listeria | | Salmonella | | STEC | | Yersinia | | Toxoplasma | |
|--------------|--|---------------|-------|----------|-------|------------|-------|--------|--------|----------|-------|------------|-------|
| | | Totaal | % Pos | Totaal | % Pos | Totaal | % Pos | Totaal | % Pos | Totaal | % Pos | Totaal | % Pos |
| Boerderij | Dier (schaap (path)# | 1.907 | 1,5% | 1.907 | 4,0% | 1.907 | 0,4% | | | 1.907 | 0,4% | 1.907 | 0,9% |
| | Dier (bedrijf) (melkschaap (feces) | 24 | 95,8% | 24 | 20,8% | 24 | 16,7% | 24 | 75,00% | | | | |
| Groothandel | Vers vlees (lam (import) | | | 1 | 0,0% | 1 | 0,0% | 1 | 0,00% | | | | |
| Retail | Vers vlees (incl. -bereidingen) (schaap | 33 | 9,1% | | | 34 | 0,0% | 33 | 6,10% | | | | |
| | (lam | 847 | 2,4% | 24 | 33,3% | 855 | 0,7% | 864 | 15,90% | | | | |
| | Gehakt vlees (incl. -bereidingen) (schaap | 1 | 0,0% | | | 1 | 0,0% | 1 | 0,00% | | | | |
| | (lam | 45 | 4,4% | 5 | 40,0% | 68 | 1,5% | 69 | 20,30% | | | | |
| | Vleeswaar (lam | | | 1 | 0,0% | | | | | | | | |
| | Totaal GD | 1.907 | 1,5% | 1.907 | 4,0% | 1.907 | 0,4% | | | 1.907 | 0,4% | 1.907 | 0,9% |
| | Totaal NVWA | 950 | 5,1% | 55 | 27,3% | 983 | 1,1% | 992 | 17,20% | | | | |
| Mens* | Er zijn geen aparte ziektelastschattingen voor schaap/lam. | | | | | | | | | | | | |

Data GD

* Ziektelastschattingen 2019 o.b.v. methodiek 2020 (Lagerweij et al. (2020) aangepast o.b.v. Benincà et al. (2021)); zie 1.4.3.6.3 Incidentie- en ziektelastschattingen)

Tabel 13.23 Pathogenen in de geitenketen. Data GD (#), NVWA/WFSR (levensmiddelen: detectie in 25 gram); 2015-2019.

| Ketenschakel | Product | Campylobacter | | Listeria | | Salmonella | | STEC | | Yersinia | | Toxoplasma | |
|--------------|--|---------------|-------|----------|-------|------------|-------|--------|-------|----------|-------|------------|-------|
| | | Totaal | % Pos | Totaal | % Pos | Totaal | % Pos | Totaal | % Pos | Totaal | % Pos | Totaal | % Pos |
| Boerderij | Dier (pathologie)# | 1.678 | 0,1% | 1.678 | 6,7% | 1.678 | 1,9% | | | 1.678 | 0,2% | 1.678 | 0,5% |
| | Dier (bedrijf) (melkgeit (feces) | 179 | 35,8% | 182 | 8,8% | 182 | 0,5% | 182 | 90,1% | | | | |
| Retail | Vers vlees (incl. vleesbereidingen) | 36 | 5,6% | 2 | 50,0% | 36 | 2,8% | 36 | 8,3% | | | | |
| | Gehakt vlees (incl. vleesbereidingen) | 6 | 0,0% | | | 6 | 0,0% | 6 | 16,7% | | | | |
| | Totaal GD | 1.678 | 0,1% | 1.678 | 6,7% | 1.678 | 1,9% | | | 1.678 | 0,2% | 1.678 | 0,5% |
| | Totaal NVWA | 221 | 29,9% | 184 | 9,2% | 224 | 0,9% | 224 | 75,0% | | | | |
| Mens | Er zijn geen (aparte) ziektelastschattingen voor geit. | | | | | | | | | | | | |

Data GD

Overige diersoorten

Tabel 13.24 Pathogenen in de paard- en overig grofwildketen. Data DWHC (#), VMDC (ε) NVWA/WFSR (levensmiddelen: detectie in 25 gram); 2015-2019.

| Ketenschakel | Product | Campylobacter | | Listeria | | Salmonella | | STEC | | Yersinia | |
|--------------|---|---------------------------------|-------|----------|-------|------------|-------|--------|-------|----------|-------|
| | | Totaal | % Pos | Totaal | % Pos | Totaal | % Pos | Totaal | % Pos | Totaal | % Pos |
| Boerderij | Dier | paard (pathologie) ^ε | 499 | 2,8% | | | 1.026 | 4,4% | | | |
| | | wild (pathologie) [#] | | | | | | | | 334 | 5,4% |
| Retail | Vleeswaar - rauw te consumeren | paard | | | 1 | 0,0% | 1 | 0,0% | 1 | 0,0% | |
| | Vleeswaar | paard | | | 1 | 0,0% | | | | | |
| | Totaal DWHC/VMDC | | 499 | 2,8% | | | 1.026 | 4,4% | | | 334 |
| | Totaal NVWA | | | | 2 | 0,0% | 1 | 0,0% | 1 | 0,0% | |
| Mens | Er zijn geen (aparte) ziektelastschattingen voor paard en wild. | | | | | | | | | | |

Data DWHC, ε Data VMDC

13.6.3.2 Monsternametypeoverzicht NVWA

Tabel 13.25 Overzicht van de verschillende soorten producten, opgesplitst naar subtype, van de diersoorten varken, rund en schaap die door de NVWA zijn bemonsterd in de retail en onderzocht op *Campylobacter*, *L. monocytogenes*, *Salmonella* en/of STEC (periode 2015-2019).

| Product | Product-subtype | Campylobacter | Listeria | Salmonella | STEC | Totaal |
|--|-------------------------|---------------|----------|------------|-------|--------|
| Vers vlees (incl. vleesbereidingen) | Vers vlees | 2.367 | 1.241 | 3.601 | 1.676 | 8.885 |
| | Vleesbereiding | | | 683 | 381 | 1.064 |
| | Lever | 5 | 2 | 6 | 1 | 14 |
| | Organen | 1 | 1 | 1 | 1 | 4 |
| Gehakt vlees (incl. vleesbereidingen) | Gehakt vlees | 11 | | 783 | 738 | 1.532 |
| | Tartaar/Duitse biefstuk | | | 72 | 71 | 143 |
| | Verse worst | 1 | | 779 | 569 | 1.349 |
| Vleeswaar (rauw te consumeren) | Gehakt vlees | | 947 | 947 | 948 | 2.842 |
| | Vers vlees | | 269 | 229 | 228 | 726 |
| Vleeswaar | Droge / gef. worst | | 35 | | | 35 |
| | Vleeswaar | | 385 | | | 385 |
| | Lever | | 19 | | | 19 |
| Totaal | | 2.385 | 2.899 | 7.101 | 4.613 | 16.998 |

Tabel 13.26 Overzicht van de verschillende winkeltypen, opgesplitst naar halal/islamitisch/Turks en “overig”, die door de NVWA zijn bezocht voor monsternamen van vlees van kleine herkauwers en overig roodvlees (rund, varken, kalf) in de periode 2015-2019.

| Type winkel | | Diersoort | | | | | |
|--------------------------|-------------------------|-----------------|------------|------------------|------------|---------------|------------|
| | | Geit/schaap/lam | | Rund/varken/kalf | | Totaal | |
| | | N | % | N | % | N | % |
| Supermarkt | Overig | 377 | 76% | 8.693 | 98% | 9.070 | |
| | Halal/islamitisch/Turks | 120 | 24% | 147 | 2% | 267 | |
| Totaal supermarkt | | 497 | 62% | 8.840 | 81% | 9.337 | 79% |
| Slagerij | Overig | 232 | 75% | 1.896 | 89% | 2.128 | |
| | Halal/islamitisch/Turks | 79 | 25% | 232 | 11% | 311 | |
| Totaal slagerij | | 311 | 38% | 2.128 | 19% | 2.439 | 21% |
| Totaal | | 808 | | 10.968 | | 11.776 | |

In totaal is van het vlees van kleine herkauwers 25% afkomstig van winkels met een halal, islamitische of Turkse indicatie. Voor vlees van rund en varken is dat 3% (waarbij het met name om rundvlees zal gaan).

13.6.3.3 Incidentiegegevens uit RASFF

In de periode 2015-2019 zijn in RASFF in de categorie “vlees en vleesproducten (anders dan pluimvee)” 594 unieke meldingen met betrekking tot microbiologische voedselveiligheid genotificeerd. Dit betreft meldingen over pathogene micro-organismen, parasitaire infestering, TSE's en (overige) microbiologische contaminanten.

In deze meldingen werd melding gemaakt over 604 unieke product-micro-organisme combinaties.

Deze dataset is geanalyseerd en opgeschoond. Van de meldingen waren er 16 die niet (alleen) betrekking hadden op roodvlees of wild (bevatte (ook) kalkoen, kip of kikker). Er waren er 3 die betrekking hadden op producten die buiten het kader van deze risicobeoordeling vielen (samengesteld product, poeder-product). Tenslotte waren er 17 meldingen waarbij het niet ging om humaan pathogene micro-organismen (Afrikaanse varkenspestvirus, bederfororganismen (schimmel, gist), indicatororganismen (*E. coli*, *Enterobacteriaceae*, *Pseudomonas*, (aeroob) kiemgetal). Deze meldingen zijn niet meegenomen in de verdere analyse. Dit resulteerde in 571 relevante product-pathogeen combinaties, waarvan 17 uitbraken.

Aan de hand van de gegeven omschrijving van de levensmiddelen is een indeling gemaakt naar type product: karkas, halffabricaat (vuldarm), separatorvlees, vers vlees (inclusief orgaanvlees), gehakt vlees & vleesbereiding, gehakt vlees & vleesbereiding – rauw te consumeren, gedroogde en/of gefermenteerde worst en vleesproduct. Tot die laatste categorie is ook alles gerekend wat gerookt is.

Niet elke melding omvat een diersoort, deze zijn als “diersoort onbekend” in het overzicht opgenomen. Aangenomen wordt dat dit vlees uit de roodvleesketen is, omdat bijzondere diersoorten (grofwild) zeer waarschijnlijk wel met hun diersoort zullen worden vermeld. Sommige producten zijn altijd van varkensvlees gemaakt, zoals ham en bacon. Deze producten zijn aan “varken” toegeschreven. Ook alle paté en leverworst is aan “varken” toegeschreven.

In Tabel 13.27, Tabel 13.28, Tabel 13.29 en Tabel 13.30 zijn overzichten gegeven van de resulterende 571 product-pathogeen combinaties.

Tabel 13.27 Overzicht RASFF meldingen voedselveiligheid microbiologie (2015-2019) – per product per keten (rood: (vermoedelijke) uitbraken).

| Levensmiddel | Pathoogeen | Roodvlees | Grofwild | Onbekend | Totaal |
|--|-----------------------------------|------------|-----------|------------|------------|
| Karkas | | 6 | 1 | | 7 |
| | <i>Mycobacterium tuberculosis</i> | 1 | | | 1 |
| | STEC | 3 | | | 3 |
| | <i>Trichinella</i> | | 1 | | 1 |
| | Prionen | 2 | | | 2 |
| Halffabrikaat/ separatorvlees | | 3 | | | 3 |
| | <i>Clostridium</i> spp. | 1 | | | 1 |
| | <i>Salmonella</i> | 2 | | | 2 |
| Vers vlees | | 244 | 21 | 8 | 273 |
| | <i>Campylobacter</i> spp. | 1 | | | 1 |
| | <i>Listeria monocytogenes</i> | 18 | | 2 | 20 |
| | <i>Mycobacterium tuberculosis</i> | 1 | | | 1 |
| | pathogene <i>E. coli</i> (EPEC) | 1 | | | 1 |
| | STEC | 139 | 15 | 3 | 157 |
| | <i>Salmonella</i> | 77 | 6 | 3 | 86 |
| | Parasieten | 1 | | | 1 |
| | <i>Echinococcus granulosus</i> | 1 | | | 1 |
| | Prionen | 1 | | | 1 |
| <i>Salmonella</i> | 4 | | | 4 | |
| Gehakt vlees en vleesbereiding | | 61 | 3 | 46 | 110 |
| | <i>Clostridium botulinum</i> | | | 1 | 1 |
| | <i>Listeria monocytogenes</i> | 2 | | 8 | 10 |
| | pathogene <i>E. coli</i> (EPEC) | 4 | | | 4 |
| | STEC | 9 | 1 | 4 | 14 |
| | <i>Salmonella</i> | 45 | 2 | 32 | 79 |
| | <i>Listeria monocytogenes</i> | | | 1 | 1 |
| | <i>Salmonella</i> | 1 | | | 1 |
| Gehakt vlees en vleesbereiding - rauw te consumeren | | 18 | | 5 | 23 |
| | <i>Listeria monocytogenes</i> | 13 | | 2 | 15 |
| | STEC | 3 | | 1 | 4 |
| | <i>Salmonella</i> | 2 | | 2 | 4 |
| Gedr/geferm. worst | | 9 | | 41 | 50 |
| | <i>Listeria monocytogenes</i> | 3 | | 10 | 13 |
| | STEC | | | 2 | 2 |
| | <i>Salmonella</i> | 6 | | 24 | 30 |
| | <i>Salmonella</i> | | | 5 | 5 |
| Vleesproduct | | 79 | 2 | 24 | 105 |
| | <i>Clostridium botulinum</i> | | | 1 | 1 |
| | <i>Listeria monocytogenes</i> | 58 | | 14 | 72 |
| | pathogene <i>E. coli</i> (EPEC) | | | 2 | 2 |
| | STEC | 5 | 1 | 2 | 8 |
| | <i>Salmonella</i> | 11 | 1 | 3 | 15 |
| | <i>Staphylococcus aureus</i> | 1 | | | 1 |
| | <i>Listeria monocytogenes</i> | 2 | | 2 | 4 |
| <i>Salmonella</i> | 2 | | | 2 | |
| Eindtotaal | 420 | 420 | 27 | 124 | 571 |

Tabel 13.28 Overzicht RASFF meldingen roodvleesketen voedselveiligheid microbiologie (2015-2019) – per micro-organisme per diersoort.

| | Micro-organisme | Diersoort | | | | | | Totaal | |
|----------------------------------|-----------------------------------|-----------|------|--------|------|-------|---------|--------|----------|
| | | Varken | Rund | Schaap | Geit | Paard | Gemengd | | Onbekend |
| Bacteriën | <i>Campylobacter</i> spp. | 1 | | | | | | | 1 |
| | <i>Clostridium botulinum</i> | | | | | | | 2 | 2 |
| | <i>Clostridium</i> spp. | | | 1 | | | | | 1 |
| | <i>Listeria monocytogenes</i> | 60 | 31 | 1 | | 1 | 1 | 36 | 130 |
| | <i>Mycobacterium tuberculosis</i> | | 1 | | 1 | | | | 2 |
| | pathogene <i>E. coli</i> (EPEC) | | 5 | | | | | 2 | 7 |
| | STEC | | 141 | 18 | | | | 12 | 171 |
| | <i>Salmonella</i> | 76 | 55 | 4 | | 2 | 6 | 64 | 207 |
| | <i>Staphylococcus aureus</i> | 1 | | | | | | | 1 |
| | | 138 | 233 | 24 | 1 | 3 | 7 | 116 | 522 |
| Parasieten | Parasieten | | | 1 | | | | | 1 |
| | <i>Echinococcus granulosus</i> | | | 1 | | | | | 1 |
| | | | | 2 | | | | | 2 |
| Prionen | Prionen | | 2 | | 1 | | | | 3 |
| | | | 2 | | 1 | | | | 3 |
| (vermoedelijke) Uitbraken | <i>Listeria monocytogenes</i> | 2 | | | | | | 3 | 5 |
| | <i>Salmonella</i> | 5 | | | | 2 | | 5 | 12 |
| | | 7 | | | | | | | 17 |
| Totaal | | 145 | 235 | 26 | 2 | 5 | 7 | 124 | 544 |

Tabel 13.29 Overzicht RASFF meldingen grofwildketen voedselveiligheid microbiologie (2015-2019) – per micro-organisme per diersoort.

| | Micro-organisme | Diersoort | | | | | Totaal |
|-----------------|-------------------------|------------|------|-----------|----------|------|--------|
| | | Wild zwijn | Hert | Kangoeroe | Krokodil | Wild | |
| Bacterie | STEC | | 7 | 8 | | 2 | 17 |
| | <i>Salmonella</i> | 2 | 1 | 1 | 3 | 2 | 9 |
| | Totaal | 2 | 8 | 9 | 3 | 4 | 26 |
| Parasiet | <i>Trichinella</i> spp. | 1 | | | | | 1 |
| | Totaal | 1 | | | | | 1 |
| Totaal | | 3 | 8 | 9 | 3 | 4 | 27 |

Tabel 13.30 Overzicht RASFF meldingen roodvlees- en grofwildketen voedselveiligheid microbiologie (2015-2019)
– EU-importcontrole.

| | Micro-organisme | Notificerend land | Roodvlees | | | Grofwild | | | Totaal | |
|---------------|-------------------------|-------------------|-----------|--------|--------|----------|-----------|------------|--------|--------|
| | | | Rund | Schaap | Totaal | Hert | Kangoeroe | Wild zwijn | | Totaal |
| Halffabrikaat | <i>Clostridium spp.</i> | Oostenrijk | | 1 | 1 | | | | 1 | |
| | Totaal | | | 1 | 1 | | | | 1 | |
| Vers vlees | STEC | België | 1 | | 1 | | | | 1 | |
| | | Finland | 2 | | 2 | | | | 2 | |
| | | Frankrijk | 1 | | 1 | | | | 1 | |
| | | Duitsland | 15 | 2 | 17 | 2 | 1 | 3 | 20 | |
| | | Italië | 31 | | 31 | | | | 31 | |
| | | Nederland | 34 | | 34 | | | | 34 | |
| | | Noorwegen | 1 | | 1 | | | | 1 | |
| | | Portugal | 2 | | 2 | | | | 2 | |
| | | Spanje | 11 | 1 | 12 | | | | 12 | |
| | | <i>Salmonella</i> | Duitsland | 1 | | 1 | 1 | 1 | 2 | 3 |
| | Totaal | | 99 | 3 | 102 | 3 | 1 | 1 | 5 | 107 |
| Vleesproduct | STEC | Duitsland | 3 | | 3 | | | | 3 | |
| | Totaal | | 3 | | 3 | | | | 3 | |
| Totaal | | | 102 | 4 | 106 | 3 | 1 | 1 | 5 | 111 |

13.6.3.4 Consumptiegegevens

In Nederland wordt onderzoek gedaan naar het voedingspatroon van de consument (voedselconsumptiepeiling) door het RIVM. Voor deze risicobeoordeling is peiling die is uitgevoerd in de periode 2012-2016 gebruikt (RIVM, 2018b). De nadruk bij de voedselconsumptiepeiling ligt op voedingskundige aspecten, zoals inname van eiwit, vet, koolhydraten, overige nutriënten en bijvoorbeeld alcohol. Hierdoor worden gegevens op andere manier gepresenteerd en geaggregeerd dan voor het uitvoeren van een risicobeoordeling met betrekking tot voedselveiligheid geschikt is. Ondanks die beperking geven de data wel inzicht in het grotere geheel. Het RIVM heeft op verzoek van BuRO een overzicht gemaakt van de gegevens van de voedselconsumptiepeiling specifiek gericht op roodvlees en grofwild (Beukers & Boon, 2020).

Varkensvlees en rundvlees zijn de meest geconsumeerde vleessoorten in Nederland. Volwassenen eten meer vlees dan kinderen. Op basis van de voedselconsumptiepeiling over de periode 2012-2016 wordt geschat dat de mediane gebruikelijke consumptie per volwassene (19-79 jaar) per jaar 11 kg bedraagt voor varkensvlees en 10 kg voor rundvlees. Voor de bevolking als geheel (1-79 jaar) is dat 10 kg varkensvlees en 8 kg rundvlees (Beukers & Boon, 2020).

Vlees van andere dieren (schaap, geit, paard, grofwild) wordt erg weinig gegeten. De steekproefgrootte van de voedselconsumptiepeiling (4313 consumenten, 2 dagen: 8623 consumptiedagen) blijkt te beperkt om daarover een goede uitspraak te doen. Op 3 consumptiedagen werd consumptie van schapenvlees gerapporteerd en op 2 consumptiedagen dat van paardenvlees. Dat komt neer op minder dan 100 gram schapenvlees per persoon per jaar (mediane gebruikelijke consumptie, personen van 1-79 jaar). Voor paardenvlees is dat minder dan 1 gram per persoon per jaar. Van geit, wild zwijn en hert zijn geen gegevens gerapporteerd in de voedselconsumptiepeiling (Beukers & Boon, 2020). Hoewel de gemiddelde consumptie laag kan zijn vlees van deze diersoorten, zijn er wel populaties waarin consumptie van hoger zal zijn. Er zijn immers ook verschillen in vleesconsumptie tussen landen in Europa zichtbaar (EFSA, 2021b) en dus naar alle waarschijnlijkheid ook tussen subpopulaties binnen de Nederlandse bevolking.

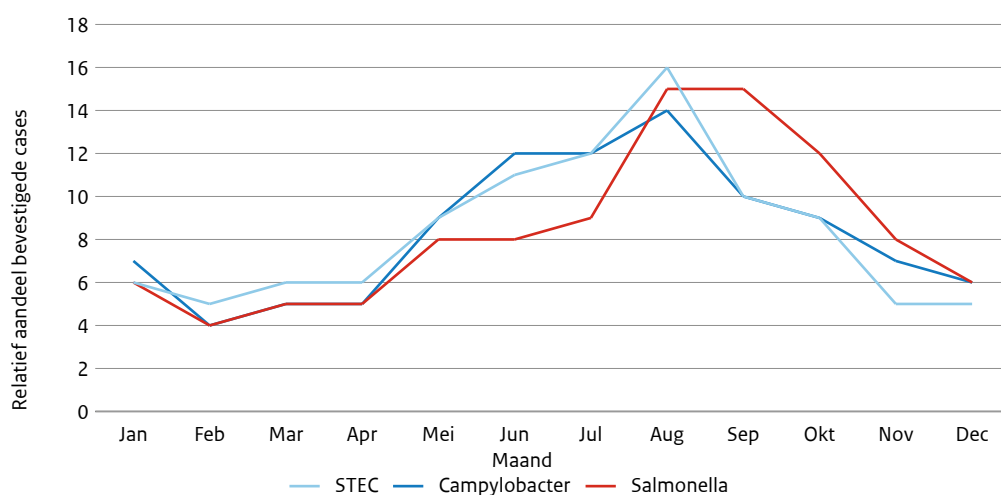
Het merendeel (circa 75%) van het vlees dat door de Nederlander wordt geconsumeerd is onderdeel van het avondeten. Het overige deel (circa 25%) wordt tijdens ontbijt, lunch of tussendoor gegeten (RIVM, 2020). Het merendeel zal dus vers vlees of gehakt vlees & vleesbereiding zijn die nog worden verhit voor consumptie, maar ook nog steeds een behoorlijk deel zal vleeswaar of een ander kant-en-klaar product betreffen. De indeling van die het RIVM heeft gehanteerd voor het indelen van de gegeten producten over de verschillende productgroepen komt niet geheel overeen met de indeling die in deze risico-beoordeling wordt gebruikt (vers vlees (inclusief bereidingen), gehakt vlees (gehakt, hamburgers), vleeswaar - rauw te consumeren, vleeswaar - vleesproduct en rauw te consumeren vleesproduct (gedroogde en/of gefermenteerde worst). Toch laat de indeling van het RIVM zien dat een behoorlijk deel (20%) als “vleeswaar” (op basis van indeling van RIVM) wordt geconsumeerd. Ook is het redelijkerwijs te verwachten dat tijdens het ontbijt, lunch en tussendoor het om kant-en-klare levensmiddelen zal gaan, zoals vleeswaar (rauw te consumeren, vleesproduct) of gedroogde en/of gefermenteerde worst.

13.6.3.5 Ziektegevallen, incidentie en ziektelast

Waargenomen prevalentie ziektegevallen

Ziektegevallen veroorzaakt door voedselgerelateerde pathogene micro-organismen komen door het hele jaar voor maar kennen soms een seizoenstrend. Voor *Salmonella* en *Campylobacter* spp. wordt deze trend per pathogeen afzonderlijk vermeld in de Staat van Zoönosen en Staat van Infectieziekten (Vlaanderen et al., 2020; Lagerweij et al., 2021). Hierin lijkt een gelijksoortige trend te zitten. Om die reden zijn de onderliggende data van deze pathogenen en van STEC bij het RIVM opgevraagd (persoonlijke communicatie RIVM). In Figuur 13.4 is deze data weergegeven als de gemiddelde trend in ziektegevallen door het jaar heen voor de situatie in Nederland. Voor *Campylobacter* spp. is dat het gemiddelde per maand over de periode 2016-2019, voor *Salmonella* en STEC is dat over de periode 2015-2019 berekend.

Figuur 13.4 Seizoenstrend van het vóórkomen van humane gevallen van campylobacteriose, salmonellose en STEC-infecties. De trendlijnen zijn gebaseerd op data van 2015-2019 voor salmonellose, STEC-infecties en 2016-2021 voor campylobacteriose (Bron: persoonlijke communicatie RIVM).



Er zit echter verschil in de rapportage van datum die voor deze pathogenen wordt gebruikt. Voor STEC is dat de datum van de eerste ziektedag, voor *Campylobacter* spp. de afnamedatum van het fecesmonster van de patiënt en voor *Salmonella* de datum dat het RIVM het patiëntenisolaat heeft ontvangen. *Campylobacter* spp. en *Salmonella* zijn dus iets vertraagd weergegeven (naar rechts verschoven) ten opzichte van STEC, waarbij de grootste vertraging (circa 2-3 weken) zit bij *Salmonella*.

Tabel 13.31 Overzicht van voedselgerelateerde uitbraken en het aantal daarbij behorende ziektegevallen veroorzaakt door micro-organismen of hun toxines in Nederland, 2006-2019 (Friesema et al., 2022).

| | Uitbraken | | | | | Zieken | | | | | 2015-2019 |
|--|------------------|---------------------|--------------|-------------|------------|--------------|--------------|---------------|-------------|--------------------------------|-----------------------|
| | CFV ¹ | Overig ² | N(totaal) | % | N per jaar | CFV | Overig | N(totaal) | % | Gemiddeld per uitbraak (range) | Uitbraken (zieken) |
| <i>Bacillus cereus</i> | 33 | 2 | 35 | 0,6 | 0-6 | 227 | 7 | 234 | 0,8 | 7 (2-90) | 2 (187) |
| <i>Campylobacter</i> spp. | 10 | 140 | 150 | 2,7 | 5-18 | 77 | 524 | 601 | 2,2 | 4 (2-30) | 43 (39) |
| <i>Clostridium</i> spp./ <i>C. botulinum</i> | 0 | 2 | 2 | 0,04 | 0-1 | 0 | 11 | 11 | 0,04 | 6 (3-8) | 0 |
| <i>Clostridium perfringens</i> | 5 | 0 | 5 | 0,1 | 0-2 | 192 | 0 | 192 | 0,7 | 38 (2-180) | 0 |
| <i>Listeria monocytogenes</i> | 9 | 2 | 11 | 0,2 | 0-4 | 64 | 4 | 68 | 0,2 | 6 (2-35) | 4 (53) |
| <i>Salmonella</i> spp. | 30 | 158 | 188 | 3,3 | 4-22 | 2.257 | 1.066 | 3.323 | 12 | 18 (15-1.149) | 54 (656) |
| <i>Shigella</i> spp. | 0 | 7 | 7 | 0,1 | 0-2 | 0 | 203 | 203 | 0,7 | 29 (2-162) | 3 (189) |
| <i>Staphylococcus aureus</i> | 11 | 1 | 12 | 0,2 | 0-5 | 62 | 55 | 117 | 0,4 | 10 (2-55) | 2 (39) |
| STEC | 5 | 6 | 11 | 0,2 | 0-2 | 82 | 21 | 103 | 0,4 | 9 (2-41) | 4 (7) |
| Hepatitis A virus | 5 | 5 | 10 | 0,2 | 0-2 | 62 | 36 | 98 | 0,4 | 10 (3-15) | 4 (37) |
| Norovirus | 27 | 178 | 205 | 3,6 | 3-25 | 449 | 3.987 | 4.436 | 16 | 22 (2-150) | 90 (1.944) |
| Histamine/scombroïde toxine | 11 | 3 | 14 | 0,2 | 0-4 | 75 | 6 | 81 | 0,3 | 6 (2-24) | 12 (77) |
| Overige pathogenen ³ | 1 | 6 | 7 | 0,1 | 0-2 | 3 | 21 | 24 | 0,1 | 3 (2-9) | 4 (10) |
| Meerdere pathogenen ⁴ | 5 | 4 | 9 | 0,2 | 0-2 | 15 | 26 | 41 | 0,1 | 5 (2-13) | 1 (2) |
| Totaal bekende oorzaak | 152 | 514 | 666 | 11,8 | | 3.565 | 5.967 | 9.532 | 34,4 | 14 (15-1.149) | 223 (3.318) |
| Onbekende oorzaak | | | 4.991 | 88,2 | | | | 18.179 | 65,6 | 4 (2-160) | 2.937 (10.200) |
| Totaal | | | 5.657 | 100 | | | | 27.711 | 100 | | 3.160 |

¹ CFV: confirmed food vehicle (bevestigde voedselbron)² Overig: niet in voedsel aangetroffen / positief omgevingsmonster (norovirus) / pathogeen bij patiënt(en) aangetoond³ Overige pathogenen: *Yersinia enterocolitica* 2 uitbraken, 6 zieken; *Vibrio parahaemolyticus* 1 uitbraak, 3 zieken; rotavirus 1 uitbraak, 9 zieken; *Giardia* 2 uitbraken, 4 zieken en lintworm 1 uitbraak, 2 zieken⁴ Er waren negen uitbraken waarbij meerdere ziekteverwekkers betrokken waren: *B. cereus* + *C. perfringens* (2x), *B. cereus* + *S. aureus* (2x), *B. cereus* + *S. Enteritidis*, *S. Typhimurium* + STEC, *C. jejuni* + norovirus, *C. jejuni* + STEC en *Dientamoeba fragilis* + *Blastocystis hominis*⁵ Het betrof 1 Nederlandse patiënt in een internationale uitbraak

Tabel 13.32 Overzicht van pathogenen die aangetroffen werden in voedselproducten afkomstig uit voedselgerelateerde uitbraken met bevestigde bron (zie Tabel 13.31) in Nederland, 2006-2019, uitgesplitst naar voedselcategorie (Frie sema et al., 2022).

| | Roodvlees | | | | | Kip | Vis, schaal- en schelpdier | Ei | Zuivel | Groenten & Fruit | Granen & deegwaar | Brood & banket | Soepen & sauzen | Samen-gesteld | Totaal |
|-------------------------------------|-----------|----------|-----------|-----------|-------------|-----------|----------------------------|----------|----------|------------------|-------------------|----------------|-----------------|---------------|------------|
| | Rund | Varken | Overig | Totaal | | | | | | | | | | | |
| <i>B. cereus</i> | 2 | 1 | 3 | 6 | 19% | 1 | 1 | 2 | 1 | 1 | 10 | 1 | 3 | 16 | 42 |
| <i>B. cereus</i> & <i>S. aureus</i> | | | | | | | | | | | | | | 2 | 2 |
| <i>Campylobacter</i> spp. | 1 | | | 1 | 3% | 3 | | | 5 | | | | | 1 | 10 |
| <i>C. perfringens</i> | 1 | | 1 | 2 | 6% | 3 | | | | 1 | | | | 5 | 11 |
| <i>L. monocytogenes</i> | | | 2 | 2 | 6% | 2 | 4 | | | | 1 | | | | 9 |
| <i>Salmonella</i> spp. | 7 | 4 | 2 | 13 | 41% | 5 | 2 | 6 | 2 | 2 | | | | 2 | 32 |
| <i>S. aureus</i> | 1 | 2 | 2 | 5 | 16% | | | | | 1 | 4 | | | 1 | 11 |
| STEC | 3 | | | 3 | 9% | | | | | 2 | | | | | 5 |
| <i>V. parahaemolyticus</i> | | | | | | | 1 | | | | | | | | 1 |
| Hepatitis A virus | | | | | | | 1 | | | 4 | | | | | 5 |
| Norovirus | | | | | | | 21 | | | 1 | | 2 | | 3 | 27 |
| Histamine | | | | | | | 11 | | | | | | | | 11 |
| Totaal | 15 | 6 | 10 | 32 | 100% | 14 | 41 | 8 | 8 | 12 | 15 | 3 | 3 | 30 | 166 |

Tabel 13.33 Overzicht van het aantal *strong evidence* voedselgerelateerde uitbraken en het aantal daarbij behorende ziektegevallen, ziekenhuisopnames en overlijdensgevallen veroorzaakt door micro-organismen of hun toxines in de EU, 2015-2019. Weergegeven zijn de data van de relevante pathogenen binnen de roodvleesketen (% ten opzichte van totaal). De gegevens zijn opgesplitst naar roodvlees en overig voedsel (% ten opzichte van pathogeen), met binnen roodvlees een verdere opsplitsing naar diersoort (% ten opzichte van pathogeen) (EFSA, 2022b).

| | Uitbraken | | Zieken | | Ziekenhuis | | Overleden | |
|--------------------------------------|-----------|-----|--------|-----|------------|-----|-----------|-----|
| | N | (%) | N | % | N | % | N | % |
| <i>Campylobacter</i> spp. | 145 | 4 | 9.437 | 12 | 102 | 1 | 0 | 0 |
| Roodvlees(producten) | 14 | 10 | 79 | 1 | 8 | 8 | 0 | 0 |
| Rund | 4 | 3 | 11 | 0 | 2 | 2 | 0 | 0 |
| Varken | 2 | 1 | 20 | 0 | 4 | 4 | 0 | 0 |
| Schaap | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Overig* | 8 | 6 | 48 | 1 | 2 | 2 | 0 | 0 |
| Overig voedsel | 131 | 90 | 9.268 | 99 | 94 | 92 | 0 | 0 |
| <i>Listeria monocytogenes</i> | 32 | 1 | 693 | 1 | 315 | 4 | 39 | 35 |
| Roodvlees(producten) | 11 | 34 | 330 | 48 | 235 | 75 | 22 | 56 |
| Rund | 1 | 3 | 3 | 0 | 3 | 1 | 2 | 5 |
| Varken | 3 | 9 | 51 | 7 | 47 | 15 | 9 | 23 |
| Schaap | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Overig | 7 | 22 | 276 | 40 | 185 | 59 | 11 | 8 |
| Overig voedsel | 21 | 66 | 363 | 52 | 80 | 25 | 17 | 44 |
| <i>Salmonella</i> | 1.540 | 42 | 23.642 | 30 | 5.258 | 63 | 26 | 24 |
| Roodvlees(producten) | 224 | 15 | 3.612 | 15 | 723 | 14 | 4 | 15 |
| Rund | 17 | 1 | 176 | 1 | 23 | 0 | 0 | 0 |
| Varken | 89 | 6 | 1.363 | 6 | 252 | 5 | 2 | 8 |
| Schaap | 6 | 0 | 422 | 2 | 44 | 1 | 1 | 4 |
| Overig | 112 | 7 | 1.651 | 7 | 404 | 8 | 1 | 4 |
| Overig voedsel | 1.316 | 85 | 20.030 | 85 | 4.535 | 86 | 22 | 85 |
| STEC | 35 | 1 | 812 | 1 | 198 | 2 | 0 | 0 |
| Roodvlees(producten) | 13 | 37 | 141 | 17 | 56 | 28 | 1 | 17 |
| Rund | 9 | 26 | 102 | 13 | 44 | 22 | 1 | 17 |
| Varken | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Schaap | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Overig | 4 | 11 | 39 | 5 | 12 | 6 | 0 | 0 |
| Overig voedsel | 22 | 63 | 671 | 83 | 142 | 72 | 5 | 83 |
| <i>Yersinia</i> spp. | 8 | 0 | 181 | 0 | 10 | 0 | 0 | 0 |
| Roodvlees(producten) | 2 | 25 | 8 | 4 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Rund | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Varken | 2 | 25 | 8 | 4 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Schaap | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Overig | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Overig voedsel | 6 | 75 | 173 | 96 | 10 | 100 | 0 | 0 |
| Overige pathogenen | 1.876 | 52 | 45.228 | 57 | 2.472 | 30 | 39 | 35 |
| Roodvlees(producten) | 236 | 13 | 5.237 | 12 | 457 | 18 | 2 | 5 |
| Rund | 39 | 2 | 1.451 | 3 | 20 | 1 | 0 | 0 |
| Varken | 83 | 4 | 1.526 | 3 | 279 | 11 | 1 | 3 |
| Schaap | 8 | 0 | 169 | 0 | 3 | 0 | 1 | 3 |
| Overig | 106 | 6 | 2.091 | 5 | 155 | 6 | 0 | 0 |
| Overig voedsel | 1.640 | 87 | 39.991 | 88 | 2.015 | 82 | 37 | 95 |
| Alle pathogenen in voedsel | 3.636 | 100 | 79.903 | 100 | 8.355 | 100 | 110 | 100 |

* Overige roodvlees(producten): gemene producten, overige diersoorten

Tabel 13.34 Overzicht van het aantal *strong evidence* voedselgerelateerde uitbraken en het aantal daarbij behorende ziektegevallen, ziekenhuisopnames en overlijdensgevallen veroorzaakt door micro-organismen of hun toxines in de EU, 2015-2019. Weergegeven zijn de data per diersoort en daarbij het percentage (%) ten opzichte van het totaal aan voedselgerelateerde uitbraken respectievelijk zieken, ziekenhuisopnames en overlijdensgevallen. De gegevens binnen de diersoort zijn opgesplitst per pathogeen, met daarbij het percentage (%) ten opzichte van het totaal van de diersoort (EFSA, 2022b).

| | Uitbraken | | Zieken | | Ziekenhuis | | Overleden | |
|------------------------------------|-----------|------|--------|------|------------|------|-----------|------|
| | N | % | N | % | N | % | N | % |
| Rundvlees(producten) | 70 | 2% | 1.743 | 2% | 92 | 1% | 3 | 3% |
| <i>Campylobacter</i> spp. | 4 | 6% | 11 | 1% | 2 | 2% | 0 | 0% |
| <i>L. monocytogenes</i> | 1 | 1% | 3 | 0% | 3 | 3% | 2 | 67% |
| <i>Salmonella</i> | 17 | 24% | 176 | 10% | 23 | 25% | 0 | 0% |
| STEC | 9 | 13% | 102 | 6% | 44 | 48% | 1 | 33% |
| <i>Yersinia</i> spp. | 0 | 0% | 0 | 0% | 0 | 0% | 0 | 0% |
| Overige pathogenen | 39 | 56% | 1.451 | 83% | 20 | 22% | 0 | 0% |
| Varkensvlees(producten) | 179 | 5% | 2.968 | 4% | 582 | 7% | 12 | 11% |
| <i>Campylobacter</i> spp. | 2 | 1% | 20 | 1% | 4 | 1% | 0 | 0% |
| <i>L. monocytogenes</i> | 3 | 2% | 51 | 2% | 47 | 8% | 9 | 75% |
| <i>Salmonella</i> | 89 | 50% | 1.363 | 46% | 252 | 43% | 2 | 17% |
| STEC | 0 | 0% | 0 | 0% | 0 | 0% | 0 | 0% |
| <i>Yersinia</i> spp. | 2 | 1% | 8 | 0% | 0 | 0% | 0 | 0% |
| Overige pathogenen | 83 | 46% | 1.526 | 51% | 279 | 48% | 1 | 8% |
| Schapenvlees(producten) | 14 | 0% | 591 | 1% | 47 | 1% | 2 | 2% |
| <i>Campylobacter</i> spp. | 0 | 0% | 0 | 0% | 0 | 0% | 0 | 0% |
| <i>L. monocytogenes</i> | 0 | 0% | 0 | 0% | 0 | 0% | 0 | 0% |
| <i>Salmonella</i> | 6 | 43% | 422 | 71% | 44 | 94% | 1 | 50% |
| STEC | 0 | 0% | 0 | 0% | 0 | 0% | 0 | 0% |
| <i>Yersinia</i> spp. | 0 | 0% | 0 | 0% | 0 | 0% | 0 | 0% |
| Overige pathogenen | 8 | 57% | 169 | 29% | 3 | 6% | 1 | 50% |
| Overig roodvlees(producten) | 237 | 7% | 4.105 | 5% | 758 | 9% | 12 | 11% |
| <i>Campylobacter</i> spp. | 8 | 3% | 48 | 1% | 2 | 0% | 0 | 0% |
| <i>L. monocytogenes</i> | 7 | 3% | 276 | 7% | 185 | 24% | 11 | 92% |
| <i>Salmonella</i> | 112 | 47% | 1.651 | 40% | 404 | 53% | 1 | 8% |
| STEC | 4 | 2% | 39 | 1% | 12 | 2% | 0 | 0% |
| <i>Yersinia</i> spp. | 0 | 0% | 0 | 0% | 0 | 0% | 0 | 0% |
| Overige pathogenen | 106 | 45% | 2.091 | 51% | 155 | 20% | 0 | 0% |
| Totaal roodvlees | 500 | 14% | 9.407 | 12% | 1.479 | 18% | 29 | 26% |
| <i>Campylobacter</i> spp. | 14 | 3% | 79 | 1% | 8 | 1% | 0 | 0% |
| <i>L. monocytogenes</i> | 11 | 2% | 330 | 4% | 235 | 16% | 22 | 76% |
| <i>Salmonella</i> | 224 | 45% | 3.612 | 38% | 723 | 49% | 4 | 14% |
| STEC | 13 | 3% | 141 | 1% | 56 | 4% | 1 | 3% |
| <i>Yersinia</i> spp. | 2 | 0% | 8 | 0% | 0 | 0% | 0 | 0% |
| Overige pathogenen | 236 | 47% | 5.237 | 56% | 457 | 31% | 2 | 7% |
| Overig voedsel | 3.136 | 86% | 70.496 | 88% | 6.876 | 82% | 81 | 74% |
| <i>Campylobacter</i> spp. | 131 | 4% | 9268 | 13% | 94 | 1% | 0 | 0% |
| <i>L. monocytogenes</i> | 21 | 1% | 363 | 1% | 80 | 1% | 17 | 21% |
| <i>Salmonella</i> | 1.316 | 42% | 20.030 | 28% | 4.535 | 66% | 22 | 27% |
| STEC | 22 | 1% | 671 | 1% | 142 | 2% | 5 | 6% |
| <i>Yersinia</i> spp. | 6 | 0% | 173 | 0% | 10 | 0% | 0 | 0% |
| Overige pathogenen | 1.64 | 52% | 39.991 | 57% | 2.015 | 29% | 37 | 46% |
| Alle pathogenen in voedsel | 3.636 | 100% | 79.903 | 100% | 8.355 | 100% | 110 | 100% |

Incidentie- en ziektelastschattingen

De data in onderstaande tabellen zijn een aanpassing van de data die zijn gepubliceerd in het rapport “Disease burdens of food-related pathogens in the Netherlands, 2019” (Lagerweij et al., 2020). De aanpassing is gebaseerd op het sinds 2021 toegepaste nieuwe attributiemodel (over het jaar 2020) (Mughini-Gras et al., 2022). In dit model is de attributie van *Campylobacter* spp., STEC O157, *Salmonella* spp. en *L. monocytogenes* herzien, waardoor de attributie naar de verschillende hoofdroutes – waaronder voedsel - en binnen “voedsel” naar de verschillende levensmiddelen categorieën is veranderd voor deze pathogenen. De aangepaste data zijn aangeleverd door E. Benincà en L. Mughini Gras, auteurs van het rapport over 2020 (Benincà et al., 2021).

Tabel 13.35 Attributie van gemiddelde ziektelast (DALY per jaar, undiscounted) aan voedsel in Nederland in periode 2015-2019.

| Pathogeen | 2015 | 2016 | 2017 | 2018 | 2019 |
|------------------------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|
| <i>Campylobacter</i> | 2.300 | 2.000 | 1.700 | 1.800 | 1.800 |
| STEC O157 | 56 | 56 | 56 | 56 | 56 |
| <i>Salmonella</i> | 550 | 642 | 570 | 520 | 510 |
| <i>L. monocytogenes</i> | 190 | 353 | 220 | 210 | 140 |
| <i>B. cereus</i> toxine | 28 | 28 | 29 | 29 | 29 |
| <i>C. perfringens</i> toxine | 180 | 180 | 180 | 180 | 180 |
| <i>S. aureus</i> toxine | 190 | 190 | 190 | 190 | 190 |
| Norovirus | 300 | 380 | 270 | 320 | 310 |
| Rotavirus | 170 | 90 | 140 | 150 | 150 |
| Hepatitis A virus | 5 | 5 | 6 | 8 | 8 |
| Hepatitis E virus | 103 | 102 | 70 | 71 | 63 |
| <i>Cryptosporidium</i> spp. | 19 | 22 | 14 | 19 | 15 |
| <i>Giardia</i> spp. | 29 | 29 | 29 | 28 | 29 |
| <i>Toxoplasma gondii</i> | 1.100 | 1.100 | 1.100 | 1.100 | 1.000 |
| Totaal | 5.100 | 5.200 | 4.600 | 4.600 | 4.600 |

Tabel 13.36 Attributie van gemiddelde ziektelast (DALY per jaar, undiscounted) door voedseloverdraagbare pathogenen in Nederland naar de verschillende levensmiddelen categorieën. Ook is het relatieve aandeel per route binnen voedsel en het aandeel dat voedsel heeft ten opzichte van de totale ziektelast weergegeven, 2019 (bron: Lagerweij et al. (2020) aangepast op basis van Benincà et al. (2021)).

| Levensmiddelen- categorie | Rund & lam | | Varken | | Overig ^a | | Mens & dier | | Totaal Voedsel | | Totaal DALY |
|-------------------------------|------------|----------------|------------|------------|---------------------|------------|-------------|------------|----------------|----------------|----------------|
| | DALY | % ^b | DALY | % | DALY | % | DALY | % | DALY | % ^c | |
| <i>Campylobacter</i> spp. | 361 | 20% | 57 | 3% | 1.303 | 72% | 126 | 7% | 1.800 | 55% | 3.300 |
| STEC O157 | 36 | 64% | 5 | 9% | 10 | 18% | 3 | 5% | 56 | 37% | 150 |
| <i>Salmonella</i> spp. | 38 | 7% | 111 | 22% | 303 | 59% | 63 | 12% | 510 | 46% | 1.100 |
| <i>Listeria monocytogenes</i> | 9 | 6% | 8 | 6% | 123 | 88% | 4 | 3% | 140 | 78% | 180 |
| <i>B. cereus</i> toxine | 2 | 7% | 1 | 3% | 26 | 90% | 0,7 | 2% | 29 | 88% | 33 |
| <i>C. perfringens</i> toxine | 86 | 48% | 15 | 8% | 73 | 41% | 6 | 3% | 180 | 90% | 200 |
| <i>S. aureus</i> toxine | 14 | 7% | 16 | 8% | 138 | 73% | 23 | 12% | 190 | 86% | 220 |
| Norovirus | 10 | 3% | 10 | 3% | 132 | 43% | 160 | 52% | 310 | 17% | 1.800 |
| Rotavirus | 0 | 0% | 4 | 3% | 89 | 59% | 52 | 35% | 150 | 14% | 1.100 |
| Hepatitis A virus | 0 | 0% | 0 | 0% | 3 | 41% | 5 | 63% | 8 | 9% | 90 |
| Hepatitis E virus | 0 | 0% | 46 | 73% | 10 | 16% | 6 | 10% | 63 | 14% | 460 |
| <i>Cryptosporidium</i> spp. | 4 | 27% | 1 | 5% | 9 | 57% | 1 | 7% | 15 | 13% | 120 |
| <i>Giardia</i> spp. | 6 | 21% | 1 | 3% | 18 | 61% | 4 | 14% | 29 | 13% | 220 |
| <i>Toxoplasma gondii</i> | 240 | 24% | 520 | 52% | 221 | 22% | 59 | 6% | 1.000 | 53% | 1.900 |
| Totaal | 810 | 18% | 790 | 18% | 2.460 | 55% | 510 | 11% | 4.480 | 42% | 11.000 |

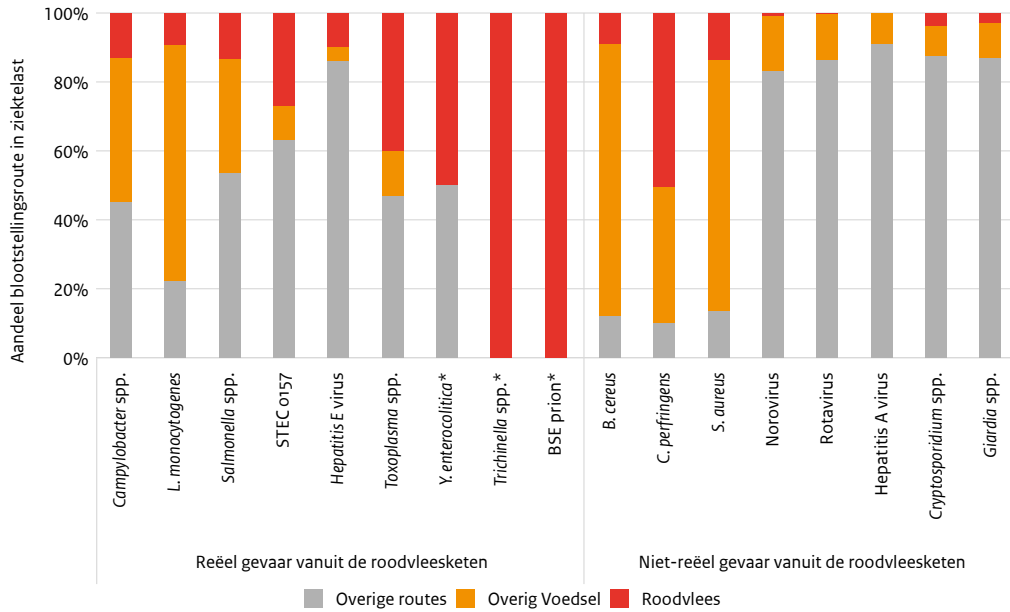
^a Overig: "poultry, eggs, dairy, fish & shellfish, produce, beverages, grains, other foods"

^b Aandeel binnen voedsel als besmettingsroute

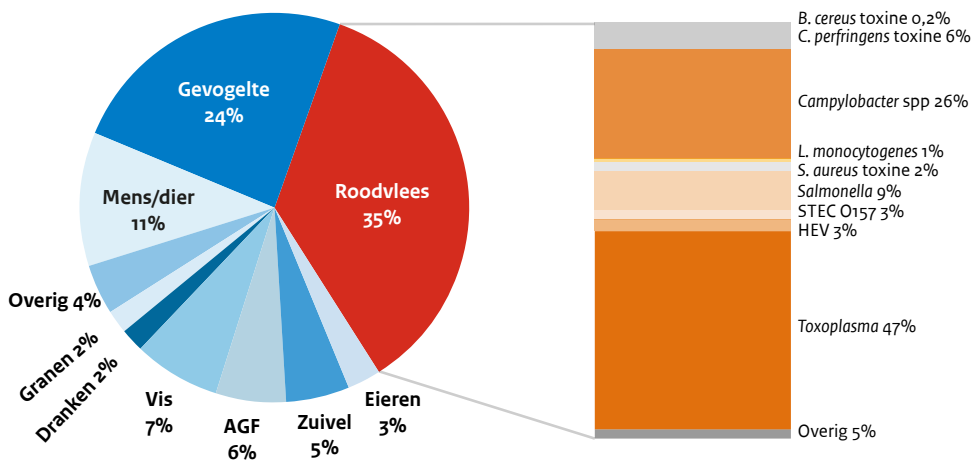
^c Aandeel van voedsel ten opzichte van totale ziektelast

Yersinia spp. zijn niet opgenomen in het ziektelastschattingenmodel. Er is door BuRO een grove schatting gemaakt gebruikmakend van het ziektelastschattingenmodel uit Denemarken: 3 DALY/100 infecties, blootstelling volledig door voedsel (Pires et al., 2020) en het geschatte aantal cases per jaar. De schatting van het aantal yersiniose-gevallen in Nederland per jaar kan worden gebaseerd op de incidentie per 100.000 inwoners in ons omringende landen (2015-2019): 2,8-3,5 in België, 3,6-4,9 in Denemarken en 2,6-3,4 in Duitsland) (ECDC, 2021); gemiddeld 3,5/100.000 inwoners. Dit is voor Nederland 611 waargenomen yersiniose-gevallen per jaar. Rekening houdend met onderrapportage – en daarbij gebruikmakend van de extrapolatiefactor uit het ziektelastschattingenmodel van Denemarken (Pires et al., 2020) – wordt geschat dat het om circa 8.700 ziektegevallen/jaar zal gaan in Nederland. Voor de situatie in Nederland zou de ziektelast daarmee uitkomen op circa 260 DALY/jaar. Vermoedelijk grotendeels door consumptie van varkensvlees.

Figuur 13.5 Overzicht van het aandeel (%) dat “roodvlees” heeft in de door het RIVM geschatte ziektelast die door de 14 meest relevante voedsel overdraagbare micro-organismen wordt veroorzaakt, met toevoeging van (*) *Y. enterocolitica*, *Trichinella* spp. en het BSE-prion. Aangegeven is welke pathogenen als reëel gevaar vanuit de roodvleesketen worden beschouwd en welke niet. Van *Y. enterocolitica* is aangenomen dat, net als *Salmonella*, de helft van de ziektelast door voedsel wordt veroorzaakt en dat roodvlees daarin de enige blootstellingsroute is.



Figuur 13.6 Geschatte attributie van ziektelast veroorzaakt door voedseloverdraagbare pathogene micro-organismen binnen de hoofdbron voedsel in het jaar 2019. Binnen de route roodvlees (rund/lam & varken) is een uitsplitsing gegeven naar de bijdrage van verschillende pathogenen (Lagerweij et al. (2020) aangepast op basis van Benincà et al. (2021)). De reële gevaren afkomstig uit de roodvleesketen zelf zijn in ‘oranje-tinten’ weergegeven; *Yersinia* spp., *Trichinella* spp. en het BSE-prion zijn ook reële gevaren, maar deze pathogenen maken geen onderdeel uit van de ziektelastschattingen.



13.6.4 Wetgeving

Tabel 13.37 Overzicht van wetgeving met betrekking tot pathogene micro-organismen die onderdeel zijn van deze risicobeoordeling.

| Zoönose | Wetgeving | | | | | |
|--|-----------|------|---------|----------|-----------|------|
| | Algemeen | Dier | Voedsel | | | Mens |
| | ZR | Gwwd | WBBL | VMC | Overig EU | Wpg |
| Relevant voor risicobeoordeling roodvlees- en grofwildketen in Nederland | | | | | | |
| Campylobacteriose | ja | ja | ja | | | - |
| Listeriose | ja | ja | - | VVC | | ja |
| Salmonellose | ja | ja | ja | PHC, VVC | | - |
| E. coli-infectie (STEC, EHEC) | ja | - | -* | PHC** | | ja |
| Yersiniose | (ja) | ja | - | - | | - |
| hepatitis E-virus infectie | (ja) | - | - | - | | - |
| Toxoplasmose | | ja | - | - | | - |
| Prionziekten (BSE/TSE/(v) CJD) | | ja | - | - | ja | ja |
| Voedselinfectie (cluster) | | - | nvt | | | ja |
| Niet relevant voor risicobeoordeling roodvlees- en grofwildketen in Nederland | | | | | | |
| Botulisme | | - | - | - | | ja |
| Q-koorts | | ja | nvt | | | ja |
| Trichinellose | | ja | - | - | ja | ja |
| Tuberculose | | ja | - | - | | ja |

* [Interventie aanwezigheid STEC in levensmiddelen](#)

** E. coli (algemeen)

ZR: Zoönoserichtlijn (RL 2003/99 EG)

Gwwd: voormalige Gezondheids- en welzijnswet voor dieren

WBBL: Warenwetbesluit bereiding en behandeling van levensmiddelen

VMC: Verordening microbiologische criteria (Vo. (EG) nr. 2073/2005); VVC: voedselveiligheids criterium, PHC: proceshygiëncriterium

Wpg: Wet publieke gezondheid en het daarbij behorende Besluit publieke gezondheid

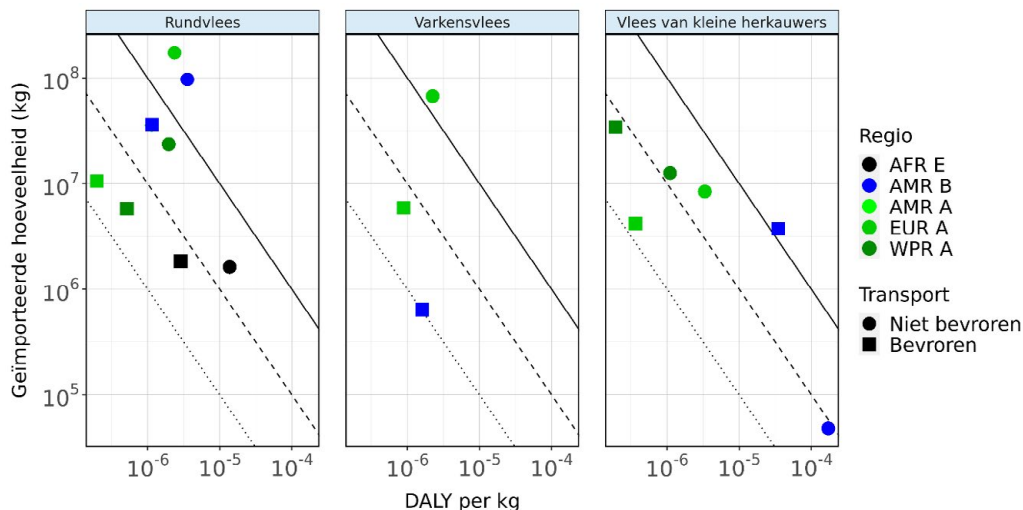
Tabel 13.38 Overzicht van genoemde wetgeving

| | |
|--|---|
| Wpg | Wet publieke gezondheid en het daarbij behorende Besluit publieke gezondheid |
| Gwwd | Gezondheids- en welzijnswet voor dieren Deze wetgeving is per 21 april 2021 komen te vervallen door de inwerkingtreding van de EU Animal Health Law (AHL) en de daarop gebaseerde wijziging van de Wet dieren. Meer informatie en actuele lijst van de meld- en bestrijdingsplichtige ziekten is te vinden in het online Vademecum Zoönosen |
| Wet dieren | Regeling - Wet dieren |
| Besluit dierlijke producten | Besluit dierlijke producten |
| WBBL | Warenwetbesluit Bereiding en behandeling van levensmiddelen |
| ALV | Algemene Levensmiddelenverordening Verordening (EG) nr. 178/2002 van het Europees Parlement en de Raad van 28 januari 2002 tot vaststelling van de algemene beginselen en voorschriften van de levensmiddelenwetgeving, tot oprichting van een Europese Autoriteit voor voedselveiligheid en tot vaststelling van procedures voorvoedselveiligheidsaangelegenheden. Verordening (EG) nr. 852/2004 van het Europees Parlement en de Raad van 29 april 2004 inzake levensmiddelenhygiëne Verordening (EG) nr. 853/2004 van het Europees Parlement en de Raad van 29 april 2004 houdende vaststelling van specifieke hygiënevoorschriften voor levensmiddelen van dierlijke oorsprong |
| VMC | Verordening microbiologische criteria Verordening (EG) nr. 2073/2005 van de Commissie van 15 november 2005 inzake microbiologische criteria voor levensmiddelen. |
| Zoönoserichtlijn | Richtlijn 2003/99/EG van het Europees Parlement en de Raad van 17 november 2003 inzake de bewaking van zoönosen en zoönoseverwekkers en houdende wijziging van Beschikking 90/424/EEG van de Raad en intrekking van Richtlijn 92/117/EEG van de Raad |
| Animal Health Law (AHL) | Verordening (EU) 2016/429 van het Europees Parlement en de Raad van 9 maart 2016 betreffende overdraagbare dierziekten en tot wijziging en intrekking van bepaalde handelingen op het gebied van diergezondheid (diergezondheidswetgeving) |
| Feed Ban | Verordening (EG) nr. 999/2001 van het Europees Parlement en de Raad van 22 mei 2001 houdende vaststelling van voorschriften inzake preventie, bestrijding en uitroeiing van bepaalde overdraagbare spongiforme encefalopathieën ('extended feed ban' of TSE-verordening) Uitvoeringsverordening (EU) 2015/1375 van de Commissie van 10 augustus tot vaststelling van specifieke voorschriften voor de officiële controles op <i>Trichinella</i> in vlees. Verordening (EG) nr. 1069/2009 van het Europees Parlement en de Raad van 21 oktober 2009 tot vaststelling van gezondheidsvoorschriften inzake niet voor menselijke consumptie bestemde dierlijke bijproducten en afgeleide producten en tot intrekking van Verordening (EG) nr. 1774/2002 (verordening dierlijke bijproducten) Verordening (EU) nr. 142/2011 van de Commissie van 25 februari 2011 tot uitvoering van Verordening (EG) nr. 1069/2009 van het Europees Parlement en de Raad tot vaststelling van gezondheidsvoorschriften inzake niet voor menselijke consumptie bestemde dierlijke bijproducten en afgeleide producten en tot uitvoering van Richtlijn 97/78/EG van de Raad wat betreft bepaalde monsters en producten die vrijgesteld zijn van veterinaire controles aan de grens krachtens die richtlijn Voor de EER relevante tekst |
| Interventie aanwezigheid STEC in levensmiddelen | Hoe STEC in levensmiddelen voorkomen E. coli bacteriën (STEC, EHEC) NVWA |

13.6.5 Import

Nederland speelt een grote rol in de import van roodvlees in de EU. Jaarlijks komt via Nederland circa 150 duizend ton roodvlees de EU binnen (gemiddelde periode 2019-2021). Het gaat hierbij om vers en bevroren vlees (inclusief eetbare organen) van runderen, varkens, eenhoevigen en kleine herkauwers. Het aandeel dat Nederland heeft binnen de hele EU lag in die periode daarmee op 45-48% voor vlees van runderen (gekoeld) en vlees van eenhoevigen (gekoeld, bevroren). Het aandeel voor varkens vlees (gekoeld, bevroren) was minder dan 5%. Van de overige soorten vers vlees lag dat tussen de 20-26% (Eurostat, 2023).

Figuur 13.7 Overzicht van “geïmporteerde” ziektelast voor vlees (per diersoort, totaal van vier pathogenen) afkomstig uit de verschillende wereldregio’s. Op de y-as staat het importvolume per jaar, op de x-as de ziektelast per kilo geïmporteed product. — : 100 DALY-grens, — — : 10 DALY-grens, - - - : 1 DALY-grens, ●: niet bevroren vlees, ■: bevroren vlees. AFR is Afrika, AMR Amerika (noord, midden, zuid), EUR Europa en WPR de West Pacific regio. A t/m E is een rangschikking op basis van kind- en volwassenenmortaliteit. A zijn regio’s met de laagste kind- en volwassenenmortaliteit, E met de hoogste mortaliteit (bron: figuur gemaakt door RIVM).

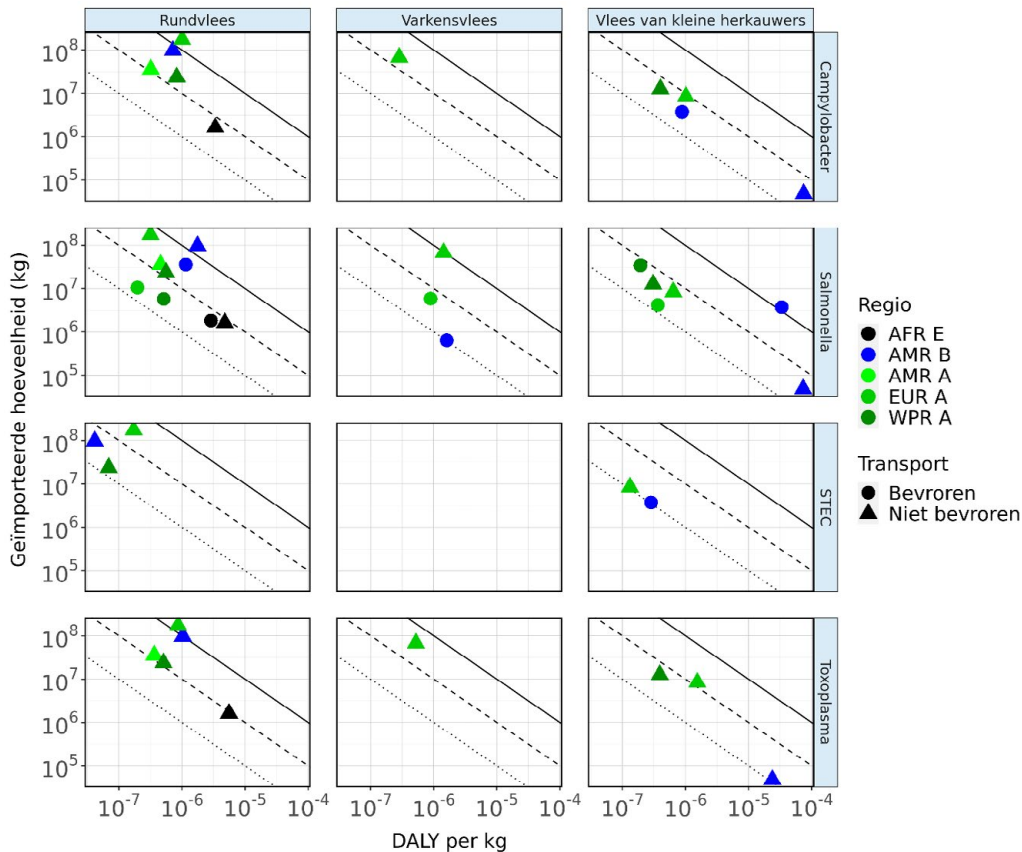


Zendingen van producten van dierlijke oorsprong (onder andere vlees) mogen uitsluitend via een aangewezen Grenscontrolepost (GCP) de EU binnenkomen. De NVWA controleert met de douane de zendingen in de aangewezen GCPs. Een deel hiervan wordt onderzocht op aanwezigheid van pathogene micro-organismen. Naast de verplichte door de EU voorgeschreven monsternamen, betrof dit in de periode 2015-2019 80 partijen rundvlees uit Zuid-Amerika die werden onderzocht op *L. monocytogenes*, *Salmonella* en STEC (Tabel 13.21).

Het RIVM heeft een methode ontwikkeld om het risico van de verschillende product-land-transport-combinaties te rangschikken (niet gepubliceerde data). Als maat voor het risico is de hoeveelheid ziektelast (DALY) per hoeveelheid product (kilogram) gekozen (uitleg berekening achteraan de paragraaf). Hierbij is onderscheid gemaakt in diersoort (rund, varken, kleine herkauwers), het land van herkomst, de manier van transporteren (gekoeld, bevroren) en het gevaar (*Campylobacter*, *Salmonella*, STEC en *Toxoplasma*).

Deze berekeningen zijn een grove schatting en bedoeld om het risico van verschillende product-land-transport-combinaties ten opzichte van elkaar te rangschikken. De methode kan echter handvatten geven aan de NVWA om haar toezicht op vlees dat via Nederland de EU binnenkomt meer risicogericht in te vullen. Dit kan op basis van het importvolume, het risico per kg of een combinatie daarvan. In Figuur 13.7 zijn de resultaten van de risico-rangschikking weergegeven. Landen met een hoog exportvolume zitten boven in de figuur, landen met een hoog risico per kg vlees rechts in de figuur. Er zijn “isobare” lijnen getekend voor 1 DALY, 10 DALY en 100 DALY. Dit is de combinatie van geïmporteed volume (in kg) en het risico (in DALY/kg). Figuur 13.7 bevat per diersoort (rund, varken, kleine herkauwers) het totale risico afkomstig van *Campylobacter*, *Salmonella*, STEC en *Toxoplasma*. In Figuur 13.8 is dit per pathogeen apart weergegeven.

Figuur 13.8 Gedetailleerder overzicht van “geïmporteerde” ziektelast voor vlees (per diersoort, per pathogeen). Op de y-as staat het importvolume per jaar, op de x-as de ziektelast per kilo geïmporteed product. — : 100 Daly-grens, —: 10 DALY-grens, ----: 1 DALY-grens, ●: bevroren vlees, ▲: niet bevroren vlees. AFR is Afrika, AMR Amerika (noord, midden, zuid), EUR Europa en WPR de West Pacific regio. A t/m E is een rangschikking op basis van kind- en volwassenenmortaliteit. A zijn regio's met de laagste kind- en volwassenenmortaliteit, E met de hoogste mortaliteit (bron: figuur gemaakt door RIVM).



Voor het overzicht is in de figuren het land van herkomst niet specifiek benoemd en is alleen de regio van elk land met kleur aangegeven. Merk op dat in Figuur 13.7 het datapunt van rundvlees-bevroren-AMR B precies valt over het datapunt rundvlees-niet bevroren-AMR A.

De regio-indeling is gebaseerd op Havelaar et al. (2015). In de figuren zijn alleen landen opgenomen die meer dan 1 DALY per jaar aan ziektelast exporteren naar de EU via Nederland. Dit betreft – afhankelijk van de diersoort – Botswana, Namibië (AFR E), Verenigde Staten van Amerika (AMR A), Argentinië, Brazilië, Chili, Paraguay, Uruguay (AMR B), Verenigd Koninkrijk (EUR A) en Australië, Nieuw Zeeland (WPR A).

Toelichting berekening

Als maat voor het risico is de hoeveelheid ziektelast (DALY) per hoeveelheid product (kilogram) gekozen. Bij het ontbreken van een openbare publicatie wordt de methode hier kort omschreven.

Voor de berekening van het risico per pathogeen-product-land-transport-combinatie is als eerste voor elk exporterende land het aantal zieken ten gevolge van een pathogeen in een voedselproduct per kilogram voedselproduct in dat land berekend. Het aantal zieken ten gevolge van de verschillende pathogenen per land van export is bepaald met de wereldwijde incidentiegegevens afkomstig uit Havelaar et al. (2015). Vervolgens is met de attributiegegevens uit Hoffmann et al. (2017) en Havelaar et al. (2008) het aantal zieken veroorzaakt door consumptie van vlees van de verschillende diersoorten per land geschat. Om te komen tot het aantal zieken per kilogram vlees (per diersoort) zijn per land de

voedselbeschikbaarheidsgegevens van de FAO (<http://www.fao.org/faostat/en/#data/FBS>) gebruikt. Deze voedselbeschikbaarheidsgegevens zijn een benadering voor de voedselconsumptie.

Het aantal zieken per kilogram wordt vervolgens vermenigvuldigd met de hoeveelheid geïmporteerd voedselproduct waarbij rekening wordt gehouden met inactivatie van de pathogeen door bevroren transport.

Als laatste wordt nu voor elke pathogeen het resulterende aantal zieken veroorzaakt door het geïmporteerde volume product vermenigvuldigd met de in Nederland (regio EUR A) geldende “DALY per case” (Havelaar et al., 2015). Dit resulteert in het aantal DALY in de EU veroorzaakt door import van voedsel voor specifieke land-pathogeen-product-transport combinaties. De data per land zijn vervolgens geaggregeerd per regio.

Deze berekeningen zijn een grove schatting en bedoeld om het risico van verschillende product-land-transport-combinaties ten opzichte van elkaar te rangschikken. Eén van de aannames is bijvoorbeeld dat de manier van consumeren in elk land hetzelfde is. Zo eet men in Nederland varkensvlees niet zo vaak rauw, maar zijn er landen waar dit mogelijk meer gebeurt. De ziektelast per kg is dan in het land van export mogelijk relatief te hoog ten opzichte van hetzelfde product hier in Nederland, omdat hier het risico wordt gereduceerd door volledig garen. Dit principe kan ook andersom gelden. De onzekerheid die deze aanname met zich meebrengt heeft wordt geschat als zijnde groot en is niet gekwantificeerd.

13.6.6 Bronverantwoording

Bij het uitvoeren van deze risicobeoordeling is gebruikt gemaakt van diverse bronnen. Hierbij is in eerste instantie uitgegaan van informatie die bij diverse overheidsinstellingen beschikbaar is. Naast relevante BuRO adviezen (BuRO, 2012;2015;2017b;2019b;2019a;2020), is gebruik gemaakt van de jaarlijkse rapportage over ziektelastschattingen in Nederland van het RIVM (Lagerweij et al., 2020), de rapportage over voedselgerelateerde uitbraken in Nederland door het RIVM (voor de periode 2015-2019 betrof dat Friesema et al. (2022)), de Staat van Zoönosen van het RIVM uit de periode 2015-2019 (Uiterwijk et al., 2016; Uiterwijk et al., 2017; Uiterwijk et al., 2018; Vlaanderen et al., 2019; Vlaanderen et al., 2020), het RIVM rapport “Ons eten gemeten” (van Kreijl et al., 2004) en de LCI-richtlijnen van het RIVM over de diverse pathogenen. Er is gebruik gemaakt van diverse EFSA opinies en het Bad Bug Book van de US FDA (US FDA, 2012).

Gegevens over het vóórkomen van pathogenen in de roodvlees- en grofwildketen in Nederland (periode 2015-2019) zijn afkomstig van de NVWA (monsters geanalyseerd door WFSR (Wageningen Food Safety Research)), WBVR (Wageningen Bioveterinary Research), GD (Koninklijke Gezondheidsdienst voor Dieren), DWHC (Dutch Wildlife Health Centre) en VMDC (Veterinair Microbiologisch Diagnostisch Centrum). Daarnaast zijn de rapportages van het RIVM over surveillance van zoönosen bij landbouwhuisdieren gebruikt (Zomer et al., 2014; Opsteegh et al., 2018; Cuperus et al., 2019; Cuperus et al., 2022)). Evenals data van andere EU-lidstaten die jaarlijks aan EFSA worden gerapporteerd. Tot slot zijn gegevens uit RASFF (Rapid Alert system for Food and Feed) gebruikt (zie ook 13.6.3 Blootstellingsschatting).

Deze gegevens zijn eventueel aangevuld met gegevens uit de literatuur. Hiervoor is op internet een quick scan naar wetenschappelijke publicaties uitgevoerd via Google (en/of Google Scholar). Wat betreft het vóórkomen van pathogenen in de roodvlees- en grofwildketen (dieren, vlees) is gebruik gemaakt van de zoektermen in Tabel 13.39. Doel van deze zoekopdracht is grofweg inzicht te krijgen in welke mate een pathogeen vóórkomt bij dieren of vlees van de verschillende dieren. De publicaties van de eerste 2-3 pagina's zijn bekeken om te komen tot circa 5 publicaties met het liefst data uit Europa.

Tabel 13.39 Overzicht gebruikte zoektermen voor quick scan van wetenschappelijke publicaties in Google en Google Scholar

| Onderwerp | Zoekterm |
|-----------|---|
| Pathogeen | Campylobacter, Listeria, Salmonella, STEC, Yersinia, hepatitis E virus OR HEV, Toxoplasma |
| Dier | Goat, sheep, horse, (wild) boar, deer, ostrich |
| Vlees | Meat (voor hert: venison) |

In specifieke gevallen is ook naar andere aanvullende informatie gezocht. Dit geldt met name voor *Y. enterocolitica*, HEV en de (*r*)emerging pathogens. Ook hierbij zijn simpele zoekopdrachten uitgevoerd, bijvoorbeeld over risicofactoren (*Yersinia enterocolitica* risk factors), het effect van verduurzamen van vlees op overleven *T. gondii* (*Toxoplasma* curing/cured meat), het invoeren van de Feed Ban in de BSE-crisis (PubMed: prion bse feed source) of over een seizoenseffect in het vóórkomen van verschillende pathogenen bij dieren (season/seasonality *Campylobacter*/*STEC*/*Salmonella*).

13.6.7 Lijsten van afkortingen

Tabel 13.40 Lijst met gebruikte afkortingen

| Afktorting | Omschrijving |
|---------------|--|
| ALV | Algemene Levensmiddelen Verordening (Vo. (EG) nr. 178/2002) |
| AM keuring | <i>ante mortem keuring</i> ; keuring vóór de dood (<i>levende keuring</i>) |
| Aw | Wateractiviteit: maat voor de hoeveelheid vrij water in een product |
| BA | Bevoegde autoriteit |
| BHI | Betrouwbaarheidsinterval |
| BLV | Boviene leukose virus: veroorzaker van runderleukose (enzoötische boviene leukose (EBL)) |
| BSE | Boviene Spongiforme Encefalopathie; een prionziekte |
| CA-verpakking | Controlled Atmosphere-verpakking: verpakken onder beschermende atmosfeer (gewijzigde gassamenstelling) voor langere houdbaarheid |
| COVID-19 | Ziekte veroorzaakt door coronavirus SARS-CoV-2 (Coronavirus Disease 2019) |
| CWD | Chronic Wasting Disease, een prionziekte |
| DALY | Disability Adjusted Life Years. Een DALY staat voor het verlies van een gezond levensjaar (WHO, 2022b). |
| EBL | enzoötische boviene leukose (zie BLV) |
| HEV | Hepatitis E-virus |
| HUS | Hemolytisch Uremisch Syndroom: nierbeschadiging |
| IgG, IgM | Immunoglobulines (antistoffen) die in het bloed zitten |
| K&K | Kant-en-klaar |
| Kve | Kolonievormende eenheid |
| MAP | <i>Mycobacterium avium</i> subsp. <i>paratuberculosis</i> |
| MRSA | methicilline-resistente <i>S. aureus</i> |
| NGS | Next Generation Sequencing: methode om (snel, goedkoop) langere stukken DNA af te lezen (typeringsonderzoek) |
| OR | odds ratio |
| PCR | <i>Polymerase Chain Reaction</i> : diagnostische methode gebaseerd op amplificatie van stukjes specifiek DNA |
| PFGE | Pulsed Field Gel Electrophoresis: DNA scheidingstechniek (typeringsonderzoek) |
| pH | Zuurgraad |
| PHC | Proceshygiëncriterium |

| Afkorting | Omschrijving |
|------------|---|
| PM keuring | post mortem keuring: keuring na de dood (geslachte keuring) |
| QMRA | Quantitative Microbiological Risk Assessment |
| RASFF | Rapid Alert System for Food and Feed |
| RNA | Ribonucleïnezuur, een stof die erfelijke informatie overbrengt naar het deel van de cel dat eiwitten produceert |
| SARS-CoV-2 | Coronavirus dat COVID-19 veroorzaakt |
| SED | Salmonella enterica subs. diarizonae 61;k;1,5,(7); host-adapted Salmonella type voor schapen |
| SRM | Specifiek Risicomateriaal (BSE wetgeving) |
| STEC | Shigatoxine-producerende Escherichia coli |
| TSE | Transmissible Spongiform Encephalopathies; prionziekte |
| vCJD | variant Creutzfeld-Jacob Disease; een prionziekte |
| VMC | Verordening Microbiologische Criteria (Vo. (EG) nr. 2073/2005) |
| VS | Verenigde Staten (van Amerika) |
| VVC | Voedselveiligheids criterium |
| WGS | Whole Genome Sequencing; methode waarbij het hele DNA van een organisme in kaart wordt gebracht |
| WOAH-WAHIS | World Organisation for Animal Health - World Animal Health Information System |
| VS | Verenigde Staten (van Amerika) |
| VVC | Voedselveiligheids criterium |
| WGS | Whole Genome Sequencing; methode waarbij het hele DNA van een organisme in kaart wordt gebracht |
| WOAH-WAHIS | World Organisation for Animal Health - World Animal Health Information System |

Tabel 13.41 Lijst met namen van instanties, instituten en dergelijke

| Afkorting | Naam | Website |
|-----------------|--|--|
| ANSES | Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (Frankrijk) | Anses - Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail |
| BfR | Bundesinstitut für Risikobewertung (Duitsland) | BfR |
| BSE-TSE netwerk | EFSA wetenschappelijk netwerk m.b.t. BSE en TSE | |
| BuRO | Bureau Risicobeoordeling & onderzoek (BuRO) van de Nederlandse Voedsel- en Warenautoriteit | Bureau Risicobeoordeling & onderzoek (BuRO) Over de NVWA NVWA |
| CBS | Centraal Bureau voor de Statistiek | Centraal Bureau voor de Statistiek (cbs.nl) |
| CDC | Centers for Disease Control and Prevention (Verenigde Staten) | Centers for Disease Control and Prevention |
| CFIA | Canadian Food Inspection Agency | Canadian Food Inspection Agency |
| CFSPH | Center for Food Security and Public Health | CFSPH - The Center for Food Security and Public Health (iastate.edu) |
| DWHC | Dutch Wildlife Health Centre | Dutch Wildlife Health Centre (DWHC) |
| EC | Europese Commissie | Europese Commissie |
| ECDC | European Centre for Disease Prevention and Control | European Centre for Disease Prevention and Control |
| EFSA | European Food Safety Authority | EFSA |

| Afkorting | Naam | Website |
|-------------|--|--|
| EFSA BIOHAZ | EFSA Panel on Biological Hazards | Biological Hazards EFSA (europa.eu) |
| EREN | EFSA Emerging Risk Exchange Network | |
| EU | Europese Unie | Europese Unie |
| EUROSTAT | EU Bureau voor de Statistiek | Eurostat (europa.eu) |
| FAO | Food and Agriculture Organization of the United Nations | Food and Agriculture Organization of the United Nations (fao.org) |
| FAVV | Federaal Agentschap voor de veiligheid van de voedselketen | AFSCA-FAVV (favv-afscircabe) |
| FDA | United States Food and Drug Administration | U.S. Food and Drug Administration (fda.gov) |
| FSAI | Food Safety Authority of Ireland | Food Safety Authority of Ireland (fsai.ie) |
| FSANZ | Food Standards Australia New Zealand | foodstandards.gov.au |
| GD | Gezondheidsdienst voor Dieren | Royal GD VOOROP IN DIERGEZONDHEID (gddiergezondheid.nl) |
| HEVNet | Wereldwijd netwerk van wetenschappers van de hepatitis E referentielaboratoria | HEVnet RIVM |
| ICMSF | International Commission on Microbiological Specifications for Foods | ICMSF International Commission on Microbiological Specifications for Foods |
| KHN | Koninklijke Horeca Nederland | KHN Koninklijke Horeca Nederland |
| KNS | Koninklijke Nederlandse Slagers | KNS (knsnet.nl) |
| LCI | Landelijke coördinatie Infectieziektebestrijding, een afdeling van het RIVM | LCI richtlijnen (rivm.nl) |
| LNV | Ministerie van Landbouw, Natuur en Voedselkwaliteit | Ministerie van Landbouw, Natuur en Voedselkwaliteit Rijksoverheid.nl |
| MRA netwerk | EFSA Network on Microbiological Risk Assessment | |
| MSD Manuals | Medisch handboek (wereldwijd) uitgegeven door MSD (Merck Sharp & Dohme), een groot farmaceutisch bedrijf | MSD |
| NHG | Nederlands Huisartsen Genootschap | Het Nederlands Huisartsen Genootschap (nhg.org) |
| NIVEL | Nederlands Instituut voor Onderzoek van de Gezondheidszorg | Nivel |
| NSW-DPI | New South Wales (Australië) - Department of Primary Industries | NSW Department of Primary Industries |
| NVWA | Nederlandse Voedsel- en Warenautoriteit | NVWA |
| NVWA-HH | NVWA directie Handhaven | |
| NVWA-KEU | NVWA directie Keuren | |
| RIVM | Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu | Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu RIVM |
| SVA | Statens Veterinärmedicinska Anstalt | SVA |
| UMC | Universitair Medisch Centrum Utrecht | UMC Utrecht |
| USDA-APHIS | United States Department of Agriculture - Animal and Plant Health Inspection Service | USDA APHIS |
| UU | Universiteit Utrecht | Universiteit Utrecht (uu.nl) |
| VKM | Vitenskapskomiteen for mat og miljø; Noors wetenschappelijk comité voor voedsel en het milieu | Vitenskapskomiteen for mat og miljø |

| Afkorting | Naam | Website |
|-----------|---|--|
| VMDC | Veterinair Microbiologisch Diagnostisch Centrum van de faculteit Diergeneeskunde van Universiteit Utrecht | Veterinair Microbiologisch Diagnostisch Centrum - Universiteit Utrecht (uu.nl) |
| VNV | Vereniging voor de Nederlandse Vleeswarenindustrie | VNV (vleeswarenindustrie.nl) |
| VWS | Ministerie van Volksgezondheid, Welzijn en Sport | Ministerie van Volksgezondheid, Welzijn en Sport Rijksoverheid.nl |
| WBVR | Wageningen Bioveterinary Research | Wageningen Bioveterinary Research - WUR |
| WFBR | Wageningen Food & Biobased Research | Wageningen Food & Biobased Research - WUR |
| WFSR | Wageningen Food Safety Research | Wageningen Food Safety Research - WUR |
| WHO | World Health Organization | World Health Organization (WHO) |
| WUR | Wageningen University and Research | WUOR |
| WOAH | World Organisation for Animal Health | WUOR |