
“Rapid Risk Assessment” voor introductie van hoog pathogene aviaire influenza in de Nederlandse commerciële pluimveehouderij

In opdracht van het ministerie van Landbouw, Natuur en Voedselkwaliteit (LNV)

E.A. Germeraad, N. Beerens, A.R.W. Elbers en R. Slaterus

Dit onderzoek is uitgevoerd door de WOT-unit Besmettelijke Dierziekten, in samenwerking met SOVON Vogelonderzoek Nederland, in opdracht van en gefinancierd door het ministerie van Landbouw, Natuur en Voedselkwaliteit (LNV), in het kader van het WOT-programma.

WOT-unit Besmettelijke Dierziekten
Lelystad, November 2021
Versie: 2021-04

© 2021 Wageningen Bioveterinary Research
Postbus 65, 8200 AB Lelystad, T 0320 238238, E info.bvr@wur.nl, www.wur.nl/bioveterinary-research. Wageningen Bioveterinary Research.

Alle rechten voorbehouden. Niets uit deze uitgave mag worden vermenigvuldigd en/of openbaar gemaakt worden door middel van druk, fotokopie, microfilm of op welke wijze dan ook zonder voorafgaande toestemming van de uitgever of auteur.

Inhoud

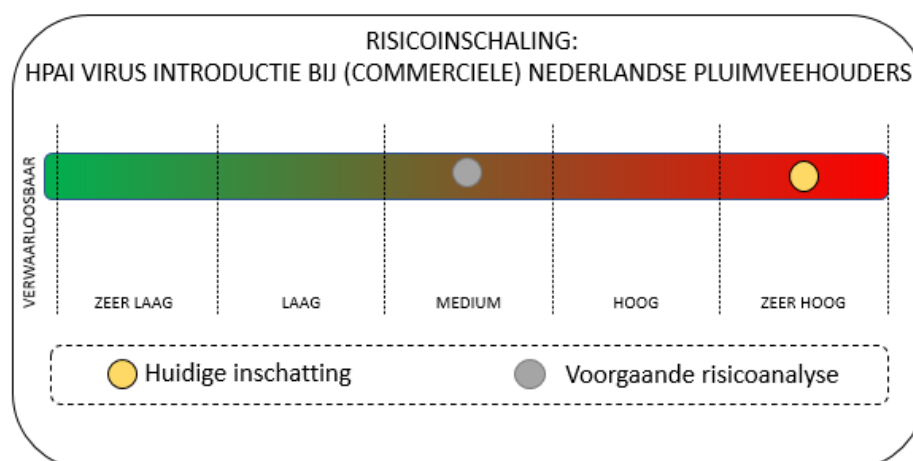
Inhoud	3	
Samenvatting	4	
1	Introductie	5
2	Methode	6
	2.1 Definities	6
	2.2 Afkortingen	6
	2.3 Methode	7
3	Risico identificatie	8
	3.1 Situatie HPAI wereldwijd	9
	3.2 Situatie HPAI Europa	10
	3.2.1 Pluimvee	10
	3.2.2 Wilde vogels	11
	3.3 Situatie HPAI Nederland	12
	3.3.1 Pluimvee	12
	3.3.2 Wilde vogels	14
	3.3.3 Inventarisatie van wilde vogel situatie door SOVON	14
	3.4 Situatie HPAI in andere diersoorten en de mens	15
4	Risicobeoordeling	17
	4.1 Onzekerheden en/of hiaten in data	17
Literatuur		18

Samenvatting

Deze "rapid risk assessment" voor introductie van hoog pathogene aviaire influenza (HPAI) op Nederlandse commerciële pluimveehouderijen is uitgevoerd in **november 2021**. Het doel van dit rapport is het bundelen van de beschikbare informatie over de aanwezigheid van HPAI in commerciële pluimveebedrijven en wilde vogels. Op basis van de beschikbare informatie wordt een kwalitatieve risicoanalyse voor de introductie van HPAI op commerciële pluimveebedrijven uitgevoerd. Dit rapport geeft een overzicht van de HPAI infecties die zijn gerapporteerd in de periode van **9 september 2021 t/m 2 november 2021**.

Rusland meldde in september 2021 de vondst van HPAI H5N1 virus in wilde vogels en daarna ook in pluimvee. Vervolgens werd HPAI H5N1 virus aangetoond in dode en/of levende wilde vogels in Finland, Denemarken en Duitsland. Vanaf half oktober 2021 is er ook HPAI H5N1 virus aangetoond in dode wilde vogels in Nederland: een Grauwe Gans die is gevonden in Bilthoven, een Knobbelzwaan in Olst en een Zilvermeeuw in Hallum. Daarnaast zijn er HPAI H5Nx virussen, H5 virussen waarvan het N-type niet getypeerd kon worden bij diagnostiek, aangetoond in wilde vogels in Nederland: een Grauwe Gans gevonden in Spaarndam, een Knobbelzwaan in Zoeterwoude, een Tureluur in Hallum en een Brandgans op Ameland. Op 26 oktober 2021 werd er HPAI H5N1 virus gedetecteerd op een uitloop-leghennenbedrijf in Zeewolde (Flevoland). Vier dagen later volgde een detectie op een vleeskuikenbedrijf in Grootschermer (Noord-Holland). Ook is er HPAI H5N1 virus gedetecteerd bij pluimvee van een hobbyhouder met >50 vogels in Assendelft (Noord-Holland). Genetische analyse heeft aangetoond dat het nieuwe HPAI H5N1 virus een andere genetische samenstelling heeft dan het HPAI H5N1 virus dat eerder in 2021 werd gevonden. Het betreft dus een nieuwe virus introductie, waarschijnlijk werd het virus in oktober door trekvogels in Nederland geïntroduceerd. De recente vondsten van besmette wilde vogels bevestigen dat er opnieuw sprake is van een vogelgriepuitbraak onder wilde vogels in Nederland, die al wijdverspreid is over het land. Door de najaarstrek zijn er veel wilde vogels in Nederland, dit zal verder toenemen aankomende periode en de vogels zullen zich verder verspreiden over (waterrijke gebieden) in Nederland. Ook zal naar verwachting de omgevingstemperatuur verder afnemen. Beide factoren verhogen de transmissie van HPAI tussen vogels.

Concluderend, het risico voor de Nederlandse commerciële pluimveehouderij om besmet te raken met HPAI wordt ingeschaald als **zeer hoog** voor Nederland. Het ingeschatte risico is op dit moment hoger dan het ingeschatte risico van de vorige analyse (sept 2021), waarin het risico werd ingeschat als medium voor Nederland.



1 Introductie

Dit rapport is vervaardigd in opdracht van het ministerie van Landbouw, Natuur en Voedselkwaliteit (LNV) door de WOT-unit Besmettelijke Dierziekten (Wageningen Bioveterinary Research), met ondersteuning van Samenwerkende Organisaties Vogelonderzoek Nederland (SOVON).

Het doel van dit rapport is het bundelen van beschikbare informatie over de aanwezigheid van hoog pathogene aviaire influenza (HPAI) in commerciële pluimveebedrijven en wilde vogels. Met deze informatie wordt een kwalitatieve risicoanalyse uitgevoerd om een inschatting te maken van de kans op introductie van HPAI virus op Nederlandse pluimveehouderijen. Deze risico-inschatting kan gebruikt worden door LNV en de deskundigengroep dierziekten als onderbouwing voor eventuele beslissingen en maatregelen geldend voor de pluimveesector en/of andere stakeholders binnen en buiten de keten.

Dit is, sinds de start in september 2018, de **twaalftde risicoanalyse** voor de introductie van HPAI op Nederlandse commerciële pluimveehouderijen en is uitgevoerd in **november 2021**. Het rapport geeft een overzicht van de HPAI infecties die werden gerapporteerd tussen **9 september 2021 t/m 2 november 2021**. Het rapport kan meerdere keren per jaar verschijnen, bv. wanneer de dreiging voor Nederland verandert, of op verzoek van het Ministerie van LNV. Een overzicht van publicatiedata van eerdere risicoanalyses is gegeven in Bijlage 1.

In dit rapport is alle (ver)nieuw(d)e informatie, ten opzichte van de vorige versie van het risicorapport (september 2021), in het rood weergegeven (de samenvatting uitgezonderd).

2 Methode

2.1 Definities

In dit rapport worden de volgende definities gebruikt:

- **Wilde vogels:** Vogels die niet in gevangenschap leven. In dit rapport gaat het met name om de wilde vogels van de orde Anseriformes (eendvogels zoals eenden, ganzen en zwanen) en Charadriiformes (steltloperachtigen en meeuwen). Deze ordes vormen het belangrijkste natuurlijk reservoir voor aviaire influenza [1].
- **Trekvogels:** Vogels die tijdelijk (seizoensgebonden) uit het broedgebied wegtrekken ten behoeve van betere leefomstandigheden.
- **Standvogels:** Vogels die het hele jaar in het broedgebied verblijven.
- **Pluimvee:** Gedomesticeerde kippen, kalkoenen, vleeseenden, ganzen, fazanten, kwartels en parelhoenders.
- **Commerciële pluimveehouderijen/bedrijven:** Het houden van pluimvee voor commerciële doeleinden (genereren van een volledig/significant deel inkomen en/of bedrijfswinst).
- **Hoog pathogene aviaire influenza:** aviaire influenzavirussen van het subtype H5 of H7 die ernstige ziekteverschijnselen en sterfte veroorzaken in pluimvee of andere in gevangenschap levende vogels. Deze virussen zijn aangifte- en bestrijdingsplichtig in Europa.
- **Hobby pluimveehouders:** Het houden van pluimvee anders dan voor commerciële doeleinden. In principe zijn deze houderijen kleinschalig opgebouwd.
- **Kans:** Inschatting van de mogelijkheid dat Nederlands pluimvee wordt besmet met aviaire influenza.
- **Impact:** Gevolgen van aviaire influenza wanneer het Nederlands pluimvee wordt besmet.
- **Risico:** Kans x impact, dus een combinatie van mogelijkheid en gevolg.

2.2 Afkortingen

- AI Aviaire influenza
- AIV Aviaire influenza virus
- EFSA European Food and Safety Authority
- Empres-i Global Animal Disease Information System van FAO
- FAO Wereld Voedsel- en Landbouworganisatie
- HPAI Hoog pathogene aviaire influenza
- LNV Ministerie van Landbouw, Natuur en Voedselkwaliteit
- LPAI Laag pathogene aviaire influenza
- NVWA Nederlandse Voedsel- en Warenautoriteit
- OIE Wereldorganisatie voor diergezondheid
- SOVON Samenwerkende Organisaties Vogelonderzoek Nederland

2.3 Methode

Deze "Rapid Risk Assessment" is gebaseerd op de kwalitatieve risicoanalyse methode, beschreven in het 'Handbook on Import Risk Analysis for Animals and Animal products', gepubliceerd door de OIE [2]. Risico wordt gedefinieerd als het product van de kans op optreden van een gebeurtenis (commerciële pluimveebedrijven worden besmet met HPAI) en de impact die het optreden van die gebeurtenis heeft [2]. Bij een HPAI infectie is er altijd sprake van een grote tot zeer grote impact. Directe aantasting van dierwelzijn, psychosociale gevolgen voor betrokkenen en economische gevolgen voor getroffen bedrijven, alsmede kosten van de bestrijding, kunnen sterk variabel zijn, van relatief matig tot substantieel, afhankelijk van het aantal getroffen bedrijven. De gevolgen voor de exportpositie van Nederland, en daarmee de indirecte economische gevolgen voor de gehele sector, zullen daarentegen naar verwachting op zijn minst hoog zijn, en kunnen oplopen tot zeer hoog. Door de grote impact van HPAI zal deze Rapid Risk Assessment zich beperken tot het inschatten van de kans op introductie en vindt er geen vermenigvuldiging met de impact plaats om te komen tot een risico inschatting.

Kansen kunnen worden ingeschaald in verschillende kwalitatieve categorieën, door de EFSA werd hiervoor een indeling gemaakt voor AI [3] (zie Tabel 1). Er kan geen kwantitatieve indicatie worden gegeven aan deze kansen en de onderlinge verhoudingen zijn betrouwbaarder dan de absolute inschattingen.

Tabel 1: *Classificatie van kansen (frequenties) dat HPAI wordt geïntroduceerd op een commercieel pluimveebedrijf in Nederland.*

Categorie kans	Definitie
Te verwaarlozen	De beschreven gebeurtenis is zo zeldzaam dat het vrijwel of geheel uitgesloten kan worden.
Zeer laag	De beschreven gebeurtenis is zeer zeldzaam, maar kan niet worden uitgesloten
Laag	De beschreven gebeurtenis is zeldzaam, maar kan voorkomen
Medium	De beschreven gebeurtenis vindt met enige frequentie plaats
Hoog	De beschreven gebeurtenis vindt frequent plaats
Zeer hoog	De beschreven gebeurtenis vindt zeer frequent plaats

3 Risico identificatie

Aviaire influenza (AI), in de volksmond vogelgriep genoemd, is een infectieuze ziekte in vogels en wordt veroorzaakt door het Influenzavirus type A. Wilde vogels, met name de watervogels van de ordes Anseriformes (i.e. eenden, ganzen en zwanen) en Charadriiformes (i.e. steltloperachtigen en meeuwen), vormen het natuurlijk reservoir van dit zeer besmettelijke virus [1] en vertonen meestal geen ernstige klinische verschijnselen. Migrerende wilde vogels verspreiden het virus over de wereld tijdens hun trektochten en kunnen andere wilde en gehouden vogels infecteren via direct of indirect contact.

Influenza virussen hebben twee eiwitten aan het oppervlak van het virus zitten: haemagglutinine (HA) en neuraminidase (NA). Op basis van deze eiwitten worden influenza virussen verdeeld in subtypen. Tot op heden zijn er 18 verschillende subtypen HA (H1–H18) en 11 NA subtypen (N1–N11) beschreven. Hiervan zijn HA 1–16 en NA 1–9 subtypen geïsoleerd bij vogels. De subtypen H17N10 en H18N11 zijn momenteel alleen nog gedetecteerd in vleermuizen [1].

De meeste AI virussen zijn laag pathogene aviaire influenza (LPAI) virussen. Pluimvee geïnfecteerd met LPAI virus vertoont geen tot milde klinische verschijnselen, zoals respiratoire verschijnselen, eileg- en voeropnamedaling [4]. Echter, LPAI H5 en H7 subtypen kunnen muteren tot hoog pathogene aviaire influenza (HPAI) [5]. Deze type virussen veroorzaken ernstige klinische symptomen, zoals neurologische verschijnselen, en sterfte waarbij de uitval binnen enkele dagen kan oplopen tot 100%. Vanwege de grote impact zijn HPAI H5 en H7 subtypen bestrijdingsplichtig in Europa.

De incubatietijd, de tijd tussen besmetting en het ontwikkelen van klinische verschijnselen, van AIV varieert voor een individuele vogel van enkele uren tot dagen. De bedrijfsincubatietijd, de tijd tussen de introductie van het virus in pluimvee op een bedrijf en het detecteren van de infectie middels diagnostiek, kan 1 tot 3 weken duren.

Incidenteel kunnen ook mensen of andere zoogdieren worden besmet met AIV [1]. Daarom zijn er aan sommige subtypes volksgezondheidsrisico's verbonden.

3.1 Situatie HPAI wereldwijd

In de laatste jaren zijn er door verschillende circulerende HPAI virussen een groot aantal pluimveebedrijven in landen over de hele wereld geïnfecteerd. De HPAI subtypen die op het moment van schrijven een (grote) rol spelen worden individueel kort belicht.

H5N1

In 1996 werd het HPAI H5N1 virus voor het eerst gedetecteerd in China. Vervolgens is dit virus wereldwijd verspreid in heel Azië. Dit virus is zoönotisch, en direct contact met geïnfecteerd pluimvee heeft geleid tot humane infecties (zie paragraaf 3.4). Door de bestrijding van dit virus, middels ruiming en vaccinatie strategieën in pluimvee [6], neemt het aantal infecties in pluimvee en wilde vogels af. In de periode van 1 juni 2021 t/m 8 september 2021 zijn er vier HPAI H5N1 infecties gerapporteerd in pluimvee in Vietnam.

In Europa, Afrika en het Midden-Oosten wordt vanaf 2020 een HPAI H5N1 virus gedetecteerd dat genetisch verwant is aan het HPAI H5N8 virus dat sinds 2020 in Europa circuleert. Deze HPAI H5N1 is dus niet verwant aan de zoönotische variant in Azië. In Afrika is in de periode van 1 juni t/m 8 september 2021 het HPAI H5N1 virus aangetoond op 44 pluimveebedrijven en in 21 wilde vogels. **In de periode van 9 september 2021 t/m 2 november 2021 is er op één pluimveebedrijf in Israël HPAI H5N1 virus gedetecteerd.** In Europa is het HPAI H5N1 virus van 1 juni 2021 t/m 8 september 2021 gedetecteerd in Finland (8 watervogels; 2 meeuwen; 1 zeearend), Estland (6 meeuwen; 3 watervogels), Letland (1 meeuw), Rusland (2 pelikanen), Schotland (2 kieviten/plevieren). **Van 9 september 2021 t/m 2 november 2021 zijn meerdere pluimveebedrijven in Rusland, Engeland, Italië en Nederland met HPAI H5N1 virus geïnfecteerd. Ook is het virus al in meerdere levende en dode wilde vogels gevonden. Voor meer informatie zie paragraaf 3.2 en 3.3.**

H5N2

Sinds 2012 is het HPAI H5N2 virus endemisch in Taiwan: vanaf 2012 t/m 8 september 2021 is het virus in totaal 998 keer op pluimveebedrijven of in hobbypluimvee gedetecteerd, waarvan slechts 1 keer van 1 juni 2021 t/m 8 september 2021.

H5N5

Naast de infecties met HPAI H5N2, rapporteert Taiwan sinds september 2019 ook regelmatig infecties met HPAI H5N5 in pluimvee. Dit virus lijkt uit het HPAI H5N2 virus te zijn ontstaan door uitwisseling van het N segment (reassortment). In de periode van 1 juni 2021 t/m 8 september 2021 is het HPAI H5N5 virus op 2 pluimveebedrijven in Taiwan gedetecteerd **en in de periode van 9 september 2021 t/m 2 november 2021 op vier pluimveebedrijven in Taiwan.**

H5N6

In 2013 is het HPAI H5N6 virus voor het eerst gedetecteerd in pluimvee in China. Vervolgens werd het virus ook aangetoond in pluimvee in andere Aziatische landen. Er zijn H5N6 virussen die zoönotisch zijn, en mensen hebben geïnfecteerd in Azië (zie paragraaf 3.4). Van 1 juni 2021 t/m 8 september 2021 is het HPAI H5N6 virus 8 maal gedetecteerd op (hobby)pluimveebedrijven in Vietnam. **Van 9 september 2021 t/m 2 november 2021 is het virus nog eenmaal gedetecteerd in pluimvee in China.**

H5N8

Binnen het HPAI H5N8 subtype wordt er op basis van de verschillen in virus genoomsequenties onderscheid gemaakt tussen H5 clade 2.3.4.4 groep A en groep B virussen. In de zomer van 2020 werden HPAI H5N8 groep B virussen aangetoond in pluimvee in Irak, Rusland en Kazachstan. De eerste detectie van dit virus in Europa was op 20 oktober 2020 in Nederland, toen er HPAI H5N8 virus werd aangetoond in twee Knobbelswanen (*Cygnus olor*) die dood werden gevonden in Kockengen (Utrecht). Vervolgens is het HPAI H5N8 virus in grote aantallen dode wilde vogels en op pluimveebedrijven gedetecteerd in Europa met een sterftepiek in November 2020. Uit het HPAI H5N8 virus zijn genetische varianten van het subtype H5N1, H5N3, H5N4 en H5N5 ontstaan.

In Azië is HPAI H5N8 virus in de periode van 1 juni 2021 t/m 8 september 2021 gedetecteerd op 14 (hobby)pluimveebedrijven in Vietnam, 38 Futen in China, 2 pluimveebedrijven in Irak en 1 hobbypluimveebedrijf in Iran. **In de periode van 9 september 2021 t/m 2 november 2021 is het virus eenmaal aangetoond in pluimvee in Vietnam.** In Europa is het HPAI H5N8 ook gedetecteerd in wilde vogels en op (hobby)pluimveebedrijven. Voor meer informatie zie paragraaf '3.2 Situatie HPAI Europa'.

Overig situatie HPAI wereldwijd

In de periode van 1 juni 2021 t/m 2 november 2021 zijn er geen HPAI infecties in Amerika gedetecteerd. In Metz (Frankrijk) is er op 14 september 2021 een zwaan gevonden die was geïnfecteerd met HPAI H7N7.

3.2 Situatie HPAI Europa

3.2.1 Pluimvee

In augustus 2020 werden HPAI H5N8 groep B virussen aangetoond in pluimvee in Kazachstan en Rusland. Hoewel de gebieden waar het virus werd gedetecteerd niet direct grensde aan de broedgebieden van de wilde vogels in Siberië werd het virus op 24 oktober 2020 voor het eerst gedetecteerd in pluimvee in Engeland. Dit werd gevolgd door een Nederlands pluimveebedrijf op 29 oktober 2020. In de periode die hierop volgde zijn een groot aantal pluimveebedrijven en hobbybedrijven geïnfecteerd met het HPAI H5N8 virus of andere genetische verwante HPAI H5 virussen, zoals H5N1 en H5N5.

Tabel 2 geeft het aantal met HPAI virus geïnfecteerde pluimveebedrijven en hobbybedrijven per Europees land weer vanaf het eerste bedrijf in Engeland. In de periode van 1 juni 2021 t/m 8 september 2021 is HPAI H5N8 virus gedetecteerd in (hobby)pluimvee in Litouwen (2), Albanië (4), Frankrijk (2), Denemarken (2), Polen (1) en Nederland (3). In België werd op 2 september een HPAI H5N8 virus gedetecteerd bij een vogelhandelaar. Op 3 september is er HPAI H5N8 virus aangetoond in Luxemburg bij een hobbyhouder die vogels had aangekocht bij de handelaar in België. **In de periode van 9 september 2021 t/m 2 november 2021 is er HPAI H5N8 virus aangetoond in pluimvee op twee pluimveebedrijven in Frankrijk en één pluimveebedrijf in Estland. HPAI H5N1 virus is gedetecteerd op tien pluimvee bedrijven in Rusland, één pluimveebedrijf in Engeland, vier pluimveebedrijven (waarvan 3 kalkoenenbedrijven) in Italië en twee commerciële pluimveebedrijven in Nederland.**

Tabel 2: Een overzicht van het aantal pluimvee- en hobbybedrijven per Europees land dat is geïnfecteerd met HPAI H5 virus sinds de introductie van het HPAI H5N8 virus in oktober 2020 (geüpdatet t/m 27 oktober 2021) [7].

Country	Pluimveebedrijven	Hobbybedrijven
Frankrijk	493	4
Polen	359	2
Duitsland	238	42
Litouwen	41	15
Tsjechië	38	1
Kosovo	22	0
Zweden	17	7
Engeland*	15	2
Oekraïne	14	1
Denemarken	14	3
Roemenië	14	0
Nederland	14	13

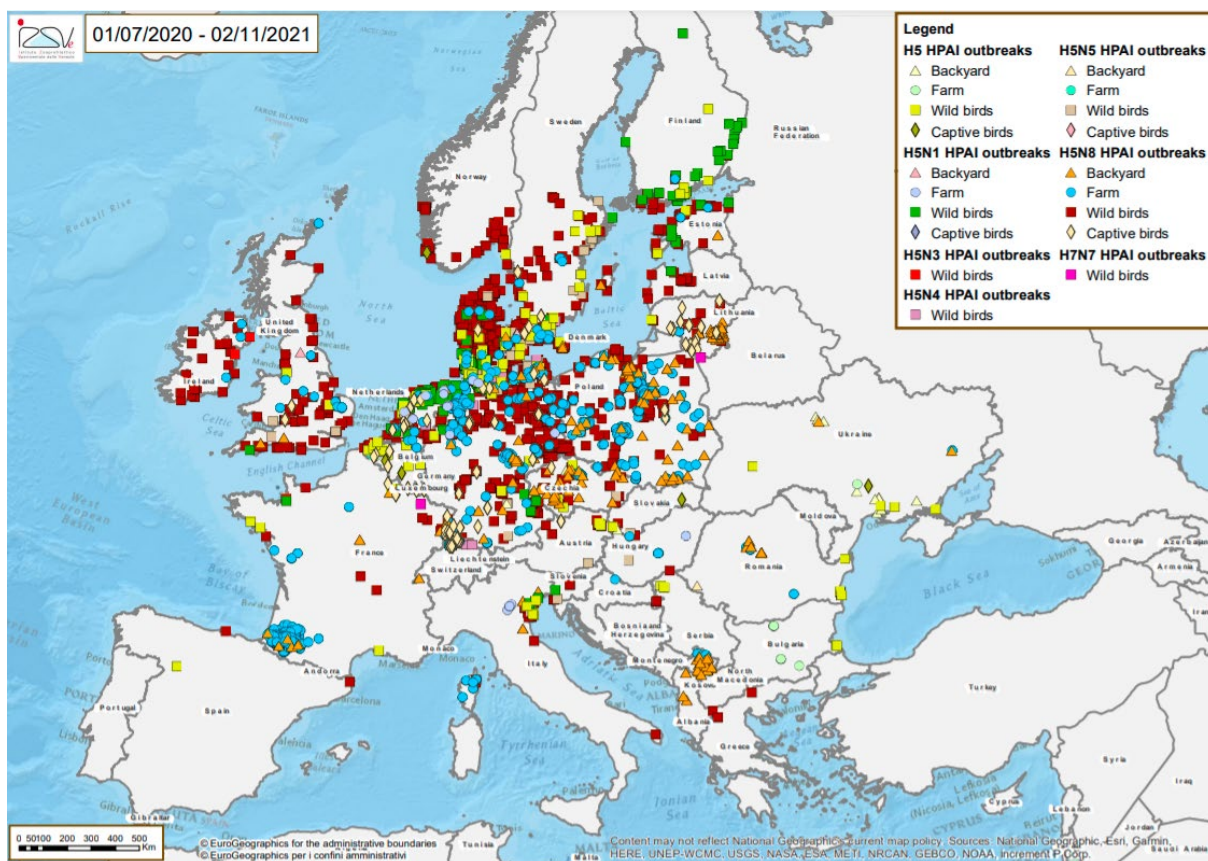
Bulgarije	8	0
Hongarije	7	0
Italië	7	0
Estland	4	0
Albanië	3	0
België	2	8
Slowakije	2	1
Noord-Ierland	2	0
Ierland	1	0
Kroatië	1	0
Finland	1	0
Noorwegen	0	1
Oostenrijk	0	1
Luxemburg	0	1

**geüpdatet tot 31 december 2020 i.v.m. Brexit implementatie per 1 januari 2021.*

3.2.2 Wilde vogels

Op 20 oktober 2020 werd het HPAI H5N8 virus voor het eerst in Noord-Europa aangetoond in twee dode Knobbelzwanen die werden gevonden in de omgeving van Kockengen (Utrecht). Vervolgens zijn in heel Europa grote aantallen dode wilde vogels gevonden die zijn geïnfecteerd met HPAI H5N8 virus (zie Figuur 3). Daarnaast zijn er in Europa ook wilde vogels gevonden die geïnfecteerd waren met HPAI H5N1, H5N3, H5N4 of H5N5 virussen. Genetische analyse laat zien dat deze HPAI virussen verwant zijn aan het HPAI H5N8 virus dat nu circuleert in Noord-Europa, de virussen hebben hetzelfde H-segment. De HPAI H5Nx virussen hebben een ander N-segment verkregen door uitwisseling van genetische materiaal (reassortment) met LPAI virussen, sommige virussen hebben daarnaast nog enkele andere nieuwe gen segmenten verkregen. Opvallend is dat de HPAI H5 virussen met name in zwanen en ganzen worden aangetoond.

In de periode van 1 juni 2021 t/m 8 september 2021 zijn er nog detecties van HPAI H5N8 in wilde vogels gemeld in Finland (18), Estland (10), Nederland (5), Zweden (7), Noorwegen (5) Duitsland (3), Schotland (2) en Litouwen (1). Het HPAI H5N1 virus is in 3 vogels gedetecteerd in Rusland en in 1 Knobbelzwaan in Nederland. **In de periode van 9 september 2021 t/m 2 november 2021 is HPAI H5N8 virus gedetecteerd in zwanen in Servië, in roofvogels in Estland en in ganzen in Zweden. Het HPAI H5N1 virus is in dezelfde periode in Finland, Denemarken, Duitsland, Estland en Nederland in levende en dode wilde vogels gevonden, zoals fazant-achtigen, Brandganzen, Smienten, Wintertalingen, zwanen en een Zearend.**



Figuur 1 Overzichtskaart van de HPAI meldingen van pluimveebedrijven en wilde vogels in Europa sinds de introductie van HPAI H5N8 in oktober 2020 (geüpdatet t/m 27 oktober 2021) [8].

3.3 Situatie HPAI Nederland

3.3.1 Pluimvee

Gedurende de epidemie van 2020-2021 zijn er in totaal 11 pluimvee bedrijven besmet geraakt met HPAI H5N8 virus en één pluimveebedrijf met HPAI H5N1 virus. Genetische analyse heeft laten zien dat de virussen gevonden op de bedrijven niet direct verwant waren. De bedrijven zijn besmet geraakt door onafhankelijke introducties vanuit wilde vogels. Alleen de twee virussen op de pluimveebedrijven in Altforst en Puiflijk waren identiek. Dit kan betekenen dat de bedrijven zijn besmet door eenzelfde bron uit de omgeving of door versleping tussen de twee pluimveebedrijven. Voor deze laatste genoemde route zijn geen aanwijzingen gevonden, er werden geen mogelijke contacten geïdentificeerd tussen de twee bedrijven. In de periode 1 juni 2021 t/m 8 september 2021 waren er geen introducties in commercieel pluimvee, maar op hobbybedrijven is er wel HPAI H5N8 virus gedetecteerd, namelijk in Rotterdam, Vleuten, Eemdijk en Heeten.

Op 26 oktober 2021 is er HPAI H5N1 virus gedetecteerd op een uitloop-leghennenbedrijf in Zeewolde (Flevoland). Op 30 oktober 2021 was een detectie van HPAI H5N1 op een vleeskuikenbedrijf in Grootschermer (Noord-Holland). Tabel 3 geeft een overzicht van de HPAI geïnfecteerde commerciële pluimveebedrijven in Nederland. In Assendelft (Noord-Holland) is in pluimvee van een hobbyhouder met >50 vogels ook HPAI H5N1 virus gedetecteerd (zie Tabel 4). In Scharwoude (Noord-Holland) is HPAI H5N1 virus aangetoond in kadavers die waren opgestuurd naar WBVR. Na deze positieve uitslag is de houder bezocht door de NVWA en zijn er ambtelijke monsters genomen. De positieve uitslag van de kadavers kon niet worden bevestigd in de ambtelijke monsters, omdat de overige dieren de infectie niet hebben

opgelopen of hiervan zijn hersteld. Daarom is dit hobbybedrijf geblokkeerd en wordt het bedrijf na twee weken nogmaals bemonsterd.

Genetische analyse van de HPAI H5N1 virussen gevonden op de twee commerciële pluimveebedrijven laat zien dat het virus opnieuw een H5 clade 2.3.4.4b virus betreft, dat verwant is aan HPAI H5-virussen die uitbraken hebben veroorzaakt sinds 2016. Echter, de virussen die in oktober 2021 zijn gevonden hebben een andere genetische samenstelling dan de HPAI H5N1 virussen die eerder in 2021 in Nederland zijn gedetecteerd. Het nieuwe H5N1 virus heeft door reassortment nieuwe PA en PB2 gen segmenten verkregen. Een virus met dezelfde genetische samenstelling werd eind september 2021 aangetoond in Saratov, Rusland. Deze analyse laat zien dat het een nieuwe virus introductie betreft en dat het virus waarschijnlijk door trekvogels in Nederland is geïntroduceerd. De Nederlandse HPAI H5N1 virussen hebben niet dezelfde genetische samenstelling als het virus dat in Italië recentelijk werd gedetecteerd. De sequenties van de virussen in de andere landen zijn op dit moment nog niet bekendgemaakt.

Er zijn 10 genetische verschillen (op nucleotide niveau) tussen de virussen op de bedrijven in Zeewolde en Grootchermer. Op dit moment zijn er nog geen sequenties van wilde vogels geanalyseerd, waardoor de diversiteit van de HPAI virussen in Nederland nog onbekend is. Een voorzichtige eerste conclusie is dat het virus waarschijnlijk niet is verslept tussen de bedrijven.

Tabel 3: overzicht van de HPAI geïnfecteerde commerciële pluimveebedrijven in Nederland vanaf 9 september 2021 t/m 2 november 2021.

Plaats	Type bedrijf/ diersoort	Aantal dieren	Virus	Datum uitslag
Grootchermer	Vleeskuikens	107.000	HPAI H5N1	30-10-2021
Zeewolde	Leghennen	36.000	HPAI H5N1	26-10-2021

Tabel 4: overzicht van de HPAI geïnfecteerde hobbyhouders met >50 vogels in Nederland vanaf 9 september 2021 t/m 2 november 2021.

Plaats	Type bedrijf/ diersoort	Aantal dieren	Virus	Datum uitslag
Assendelft	Kleinschalige houderij 190		HPAI H5N1	01-11-2021



Figuur 2 Overzichtkaart van de HPAI meldingen van pluimveebedrijven en wilde vogels in de periode van 9 september 2021 t/m 2 november 2021 in Nederland. Paars: pluimveebedrijven; blauw: hobbybedrijven, rood: wilde vogels [9].

3.3.2 Wilde vogels

In voorgaande HPAI uitbraken werd het virus in Nederland niet meer gedetecteerd in de zomer, met uitzondering van het jaar 2018 waar het HPAI H5N6 virus tweemaal in wilde vogels werd gedetecteerd (in augustus en begin september; zie risicorapport 2018-01). Het HPAI H5N8 virus werd ook in de zomer van 2021 nog gedetecteerd in 5 wilde vogels in de periode 1 juni 2021 t/m 8 september 2021. De wilde vogels zijn gevonden in Soest, Bunschoten, Baarn en Klaaswaal. Dit zijn allemaal waterrijke gebieden. **Op 21 september is er nog een Grauwe gans in Wormerveer gevonden geïnfecteerd met HPAI H5Nx virus.**

Echter, vanaf half oktober 2021 worden er weer meer dode wilde vogels gevonden. Er is HPAI H5N1 of H5Nx virus aangetoond in Grauwe Ganzen gevonden in Spaarndam en Bilthoven, een Knobbelzwaan in Olst en Zoeterwoude, een Tureluur en een Zilvermeeuw in Hallum en een Brandgans op Ameland (zie tabel 4). H5Nx betekent dat het NA-type van het virus niet bepaald kon worden tijdens de diagnostiek.

Tabel 4: Overzicht van gedetecteerde HPAI H5 virussen per subtype in wilde vogels in de periode van 9 september 2021 t/m 2 november 2021. H5Nx: NA-type van het virus niet bekend.

Diersoort	H5N1	H5Nx
Brandgans		1
Grauwe gans	1	2
Knobbelzwaan	1	1
Tureluur		1
Zilvermeeuw	1	
Totaal	3	5

3.3.3 Inventarisatie van wilde vogel situatie door SOVON

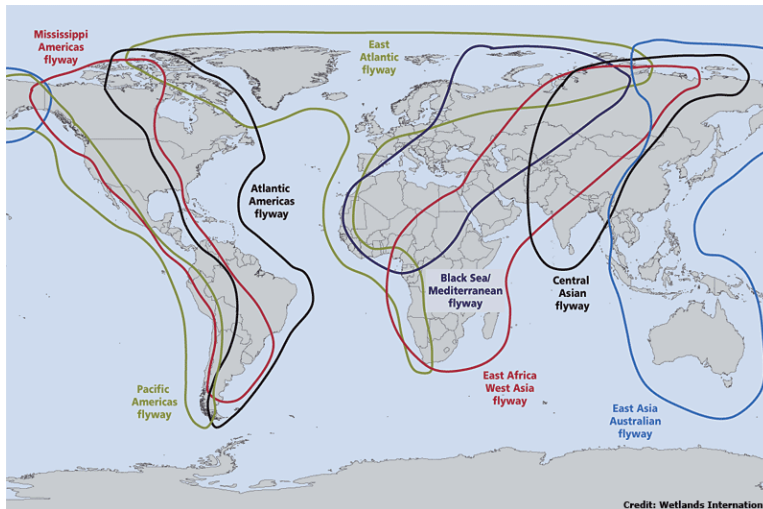
Vogeltrek is het gehele jaar waarneembaar [10], maar er zijn perioden met een groot aantal trekbewegingen en perioden met een klein aantal. In het algemeen geldt dat rond half december de meeste watervogels hun overwinteringsgebieden in West-Europa hebben bereikt en dat de najaarstrek dan beëindigd is. In Nederland neemt het aantal watervogels in het najaar sterk toe met een piek in de winter. Tabel 5 geeft een overzicht van de aantallen AI-risicosoorten in Nederland gedurende het jaar (ordegrootte). De grootste aantallen risicovogels zijn te vinden in de periode november t/m februari, met name in de waterrijke gebieden. In mei-juni zijn de aantallen risicovogels over het geheel genomen het laagst.

Tabel 5: De maandelijkse aantallen AI-risicosoorten in Nederland (ordegrootte); aantallen * 1.000.000. Bron: SOVON.

	Jan	Feb	Mrt	Apr	Mei	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dec
Zwanen, ganzen, eenden	4,3	3,9	2,6	1,1	0,3	0,2	0,3	0,4	1,4	2,5	3,8	4,1
Overige watervogels	3,0	2,5	3,1	2,4	1,8	1,7	2,2	2,7	2,8	2,9	2,8	2,5
Totaal	7,3	6,4	5,7	3,5	2,1	1,9	2,5	3,1	4,2	5,4	6,6	6,6

De timing van de najaarstrek varieert van soort tot soort (zie Bijlage 3). Bij de meeste soorten watervogels neemt de najaarstrek gemiddeld genomen rond half september een aanvang. Onder invloed van de omstandigheden ten noorden en oosten van Nederland (voedselaanbod, waterstand, weersomstandigheden) kan de najaarstrek in sommige jaren iets eerder of iets later beginnen. Rond eind oktober zijn de meeste soorten watervogels op trek en vanaf begin december neemt de trek snel af. Vogels die vroeg in september in Nederland arriveren kunnen al afkomstig zijn uit herkomstgebieden ver ten noorden of ten oosten van Nederland (inclusief West-Siberië). Verschillende soorten die broeden in Noordwest-Rusland trekken via het Oostzeegebied en Noord-Duitsland naar Nederland of verder (Britse Eilanden, Frankrijk). **Figuur 3 geeft de belangrijkste trekroutes weer. Op het moment van schrijven – begin november 2021 – is de najaarstrek van veel vogelsoorten nog gaande. Soorten die momenteel veel**

trekbewegingen vertonen in en rond Nederland, zijn overwegend soorten die hier ook 'normaliter' als wintergasten worden aangetroffen. Veel van de typische zomervogels hebben onze regionen inmiddels al enige tijd geleden verlaten en bevinden zich momenteel in Zuid-Europa of Afrika.



Figuur 3 Belangrijkste vogeltrekroutes [11].

In de periode 1 juni 2021 t/m 8 september 2021 waren er nog verschillende detecties van HPAI H5N8 en H5N1 virus in wilde en gehouden vogels in Nederland. Ook in andere Europese landen werden nog HPAI virussen aangetoond in de zomer van 2021. Dit geeft aan dat het virus heeft kunnen "overzomeren" in de wilde standvogels in Nederland. Hiermee is een nieuwe situatie ontstaan, waarbij het HPAI H5N8 virus nog in het land aanwezig was op het moment dat er grote aantallen trekvogels aankomen om te overwinteren. Door het toegenomen aantal wilde vogels in Nederland door de najaarstrek is er meer virus-amplificatie mogelijk. Ook kan HPAI virus langer overleven bij koudere omgevingstemperaturen die worden verwacht in de herfst en winter. Beide factoren kunnen de transmissie van HPAI virus tussen wilde vogels onderling en naar pluimvee bevorderen.

Vanaf half oktober is er verhoogde sterfte waargenomen onder watervogels, met name in het Waddengebied. Het betrof naast een aantal ganzen- en eendensoorten ook enkele soorten steltlopers en meeuwen. In dezelfde periode is er ook HPAI H5N1 en HPAI H5Nx virus gedetecteerd in dode wilde vogels in Nederland. Van eerdere uitbraken is bekend dat er een aanzienlijke variatie kan bestaan in de mate van sterfte tussen soorten. Het is mogelijk dat (een deel van) bovengenoemde vogels in Nederland besmet is geraakt en dat er andere soorten betrokken zijn bij de verspreiding van het virus over langere afstanden. Genetische analyse van het virus gevonden op het bedrijf in Zeewolde heeft laten zien dat het een nieuwe virus introductie betreft door trekvogels. Het is dus waarschijnlijk dat de sterfte onder wilde vogels wordt veroorzaakt door dit nieuwe HPAI H5N1 virus, en niet door HPAI H5-virussen die in Nederland hebben weten te overzomeren. De genetische analyse van de wilde vogelvirussen is momenteel echter nog niet afgerond. De recente vondsten bevestigen dat er opnieuw sprake is van een vogelgriepuitbraak onder wilde vogels in Nederland.

3.4 Situatie HPAI in andere diersoorten en de mens

Het Aziatische HPAI H5N1 virus vormt een volksgezondheidsrisico. Humane infecties zijn geassocieerd met nauw contact met geïnfecteerde vogels of een HPAI H5N1 virus gecontamineerde omgeving. Van 2003 t/m augustus 2021 zijn er in totaal 863 humane infecties gerapporteerd aan de WHO, waarvan 1 cases in 2021 [12]. Het aantal humane infecties, neemt doordat HPAI H5N1 minder voorkomt in pluimvee, ook in mensen af. Het HPAI H5N6 virus heeft in Azië enkele humane (dodelijke) infecties veroorzaakt. In totaal zijn er 40 meldingen geconfirmeerd in het laboratorium (2014 t/m augustus 2021 [12]), waarvan in de periode van

1 juni 2021 t/m 8 september 2021 acht humane infecties, en in de periode van 9 september 2021 t/m 2 november 2021 zes humane infecties, zijn gerapporteerd door China. Op dit moment circuleren er in Europa geen virus subtypes die een humaan gezondheidsrisico met zich meebrengen. Het ontstaan van nieuwe zoönotische virussen door reassortment of mutatie kan echter niet uitgesloten worden.

Het HPAI H5N8 clade 2.3.4.4 groep B virus is in februari 2021 in Rusland aangetoond bij zeven personen die intensief met pluimvee werken. De personen vertoonden geen ziekteverschijnselen en er was geen sprake van mens-mens transmissie [13]. Daarnaast heeft Engeland HPAI H5N8 virus aangetoond in een grijze zeehond, vier gewone zeehonden en een vos die in een wildopvang zaten in december 2020. Het virus was 99,9% genetisch identiek aan het HPAI H5N8 virus dat in vogels wordt gevonden. Andere doodsoorzaken zijn niet onderzocht en daarom is het mogelijk dat andere factoren de ziekteverschijnselen hebben veroorzaakt/versterkt [14]. In Zweden werd HPAI H5N8 virus aangetoond in een grijze zeehond op 15 maart 2021. In Nederland werd op 17 mei HPAI H5N1 virus gedetecteerd in twee jonge vossen uit Groningen. Genetische analyse heeft aangetoond dat het virus uit de vossen verwant is aan HPAI H5N1 virussen die werden gevonden bij wilde vogels in die regio. Waarschijnlijk zijn de jonge vossen geïnfecteerd door directe consumptie van besmette karkassen of via de moedervos. Genetische analyse heeft laten zien dat het vossenvirus geen zoönotische kenmerken heeft. Echter, het virus kan dus potentieel zoogdieren infecteren, al is het aantal bekende gevallen zeer laag. Het humane gezondheidsrisico van het HPAI H5N8 virus wordt daarom op dit moment nog steeds ingeschaald als laag door het RIVM. Omdat de huidige HPAI H5N1, H5N2, H5N3, H5N4 en H5N5 virussen in Nederland genetisch verwant zijn aan het HPAI H5N8 virus wordt ook het humane risico voor deze virussen momenteel laag ingeschat door het RIVM. Naar aanleiding van de detectie van het HPAI H5N1 virus in oktober 2021 in Nederland werd opnieuw een risico-inschatting gemaakt door het RIVM. Er werden opnieuw geen bekende zoönotische kenmerken aangetoond en het humane risico werd ook voor dit virus als laag ingeschat. Wel wordt opgeroepen om contact met dode wilde vogels en hun uitwerpselen te vermijden.

4 Risicobeoordeling

In deze risicobeoordeling wordt een inschatting gemaakt van de huidige kans dat HPAI wordt geïntroduceerd op Nederlandse commerciële pluimveebedrijven. Sinds 20 oktober 2020, het moment dat het HPAI H5N8 virus werd aangetoond in twee Knobbelzwanen in Kockengen (Utrecht), is in heel Europa het HPAI H5N8 gedetecteerd in grote aantallen dode wilde vogels en in pluimvee. Naast de detectie van HPAI H5N8 virussen zijn er in Europa varianten van het HPAI H5N8 virus gedetecteerd, zoals HPAI H5N1, welke zijn ontstaan door uitwisseling van genetisch materiaal met LPAI virussen. Het HPAI H5N1 virus in Nederland is dus niet verwant aan het zoönotische HPAI H5N1 virus uit Azië. Het HPAI H5 virus dat in Nederland circuleert kan potentieel wel zoogdieren infecteren, maar het aantal bekende gevallen is zeer laag. **Het humane gezondheidsrisico van de HPAI H5 virussen die in Nederland circuleren worden op dit moment nog steeds ingeschaald als laag door het RIVM.**

Rusland meldde in september 2021 de vondst van HPAI H5N1 virus in wilde vogels en daarna ook in pluimvee. Vervolgens werd HPAI H5N1 virus aangetoond in dode en/of levende wilde vogels in Finland, Denemarken en Duitsland. Vanaf half oktober 2021 is er ook HPAI H5N1 virus aangetoond in dode wilde vogels in Nederland: een Grauwe Gans die is gevonden in Bilthoven, een Knobbelzwaan in Olst en een Zilvermeeuw in Hallum. Daarnaast zijn er HPAI H5Nx virussen, H5 virussen waarvan het N-type niet getypeerd kon worden bij diagnostiek, aangetoond in wilde vogels in Nederland: een Grauwe Gans gevonden in Spaarndam, een Knobbelzwaan in Zoeterwoude, een Tureluur in Hallum en een Brandgans op Ameland. Op 26 oktober 2021 werd er HPAI H5N1 virus gedetecteerd op een uitloop-leghennenbedrijf in Zeewolde (Flevoland). Vier dagen later volgde een detectie op een vleeskuikenbedrijf in Grootschermer (Noord-Holland). Ook is er HPAI H5N1 virus gedetecteerd bij pluimvee van een hobbyhouder met >50 vogels in Assendelft (Noord-Holland). Genetische analyse heeft aangetoond dat het nieuwe HPAI H5N1 virus een andere genetische samenstelling heeft dan het HPAI H5N1 virus dat eerder in 2021 werd gevonden. Het betreft dus een nieuwe virus introductie, waarschijnlijk werd het virus in oktober door trekvogels in Nederland geïntroduceerd. De recente vondsten van besmette wilde vogels bevestigen dat er opnieuw sprake is van een vogelgriepuitbraak onder wilde vogels in Nederland, die al wijdverspreid is over het land. Door de najaarstrek zijn er veel wilde vogels in Nederland, dit zal verder toenemen aankomende periode en de vogels zullen zich verder verspreiden over (waterrijke gebieden) in Nederland. Ook zal naar verwachting de omgevingstemperatuur verder afnemen. Beide factoren verhogen de transmissie van HPAI tussen vogels.

Op basis van deze analyse wordt het risico dat commercieel pluimvee geïnfecteerd raakt met HPAI virus ingeschaald als **zeer hoog**. Het ingeschatte risico is op dit moment hoger dan het ingeschatte risico van de vorige analyse (september 2021), waarin het risico werd ingeschat als medium voor Nederland.

4.1 Onzekerheden en/of hiaten in data

De effectiviteit van de passieve surveillance voor wilde vogels is afhankelijk van de mortaliteit die per specifieke virusstam verschilt. Actieve monitoring van AI in levende wilde vogels is lastig doordat de risicosoorten zich op moeilijk bereikbare locaties bevinden en de prevalentie van het virus doorgaans laag is. De kennis over de detectie van het virus in pluimvee in andere landen is afhankelijk van de bereidheid om uitbraken correct en tijdig te melden, dit kan per land verschillen. De kennis over mogelijke introductieroutes van vogelgriep is nog niet volledig. Hierdoor kan het daadwerkelijke risico van infecties van pluimvee met HPAI virus afwijken van het risico dat in deze analyse wordt ingeschat.

Literatuur

1. Suarez, D.L., *Influenza A virus*, in *Animal Influenza*, D.E. Swayne, Editor. 2017, John Wiley & Sons, Inc.: Iowa. p. 1-30.
2. Brückner, G., MacDiarmid, S., Murray, N., Berthe, F., Müller-Graf, C., Sugiura, K., Zepeda, C., Kahn, S., Mylrea, G., ed. *Handbook on Import Risk Analysis for Animals and Animal Products*. 2nd ed. 2008, The World Organisation for Animal Health (OIE).
3. EFSA, *Scientific Statement on Migratory birds and their possible role in the spread of highly pathogenic avian influenza*. 2006. p. 1-30.
4. Spackman, E., *Avian Influenza Virus*. first ed. *Methods in Molecular Biology*, ed. J.M. Walker. Vol. 436. 2008, Totowa, USA: Human Press. 147.
5. Richard, M., et al., *Mechanisms and risk factors for mutation from low to highly pathogenic avian influenza virus*. 2017. p. 1-26.
6. Sun, Z., J. Wang, and Z. Huang, *Assessment of China's H5N1 routine vaccination strategy*. *Scientific reports*, 2017. **7**: p. 46441-46441.
7. IZSV. *Numero di positività al virus dell'influenza aviaria ad alta patogenicità notificate per paese e categoria di volatili coinvolta*. Available from: <https://www.izsvenezie.com/documents/reference-laboratories/avian-influenza/europe-updates/HPAI/2020-1/total-events.pdf>
8. IZSVE. *Outbreak map*. 8 september 2021]; Available from: <https://izsvenezie.com/documents/reference-laboratories/avian-influenza/europe-updates/HPAI/2020-1/maps.pdf>.
9. WBVR. *Vogelgriep bij pluimvee in 2020/2021*. Available from: <https://www.wur.nl/nl/Onderzoek-Resultaten/Onderzoeksinstituten/Bioveterinary-Research/show-bvr/Vogelgriep-bij-pluimveebedrijven.htm>.
10. LWVT/Sovon. *Trektellen*.; Available from: www.trektellen.nl.
11. *General "flyways" used by migratory shorebird species - credit: wetlands international*. [cited 08 september 2021; Available from: http://www.fao.org/avianflu/en/wildlife/sat_telemetry.htm.
12. WHO. *Avian Influenza Weekly Update Number 806*. 2021 [cited 8 september 2021]; Available from: https://www.who.int/docs/default-source/wpro---documents/emergency/surveillance/avian-influenza/ai-20190913.pdf?sfvrsn=223ca73f_26.
13. ProMED. *Avian influenza, human (02): Russia, H5N8, 1st case*. Available from: <https://promedmail.org/promed-post/?id=20210221.8204014>.
14. ProMED. *Avian influenza (45): Europe (UK, Croatia) seal, fox, wild bird, HPAI H5N8, OIE*. Available from: <https://promedmail.org/promed-post/?id=20210317.8252821>.

Bijlage 1 Publicatiedata van eerder verschenen risicoanalyses voor HPAI in Nederland

Versie nummer	Publicatiedatum	Ingeschaald risico
2018-01	September 2018	Medium
2018-02	November 2018	Medium
2019-01	September 2019	Laag
2020-01	Januari 2020	Laag
2020-02	Juni 2020	Zeer laag
2020-03	September 2020	Laag
2020-04	Oktober 2020	Hoog
2020-05	November 2020	Zeer hoog
2021-01	Februari 2021	Hoog
2021-02	Mei 2021	Medium voor Nederland, m.u.v. de provincies Friesland en Groningen waar het risico wordt ingeschat als hoog
2021-03	September 2021	Medium

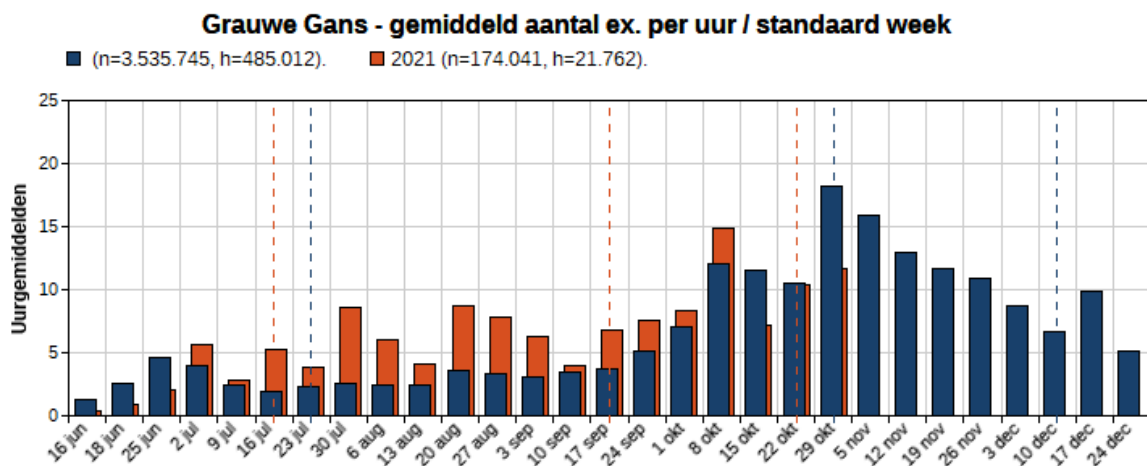
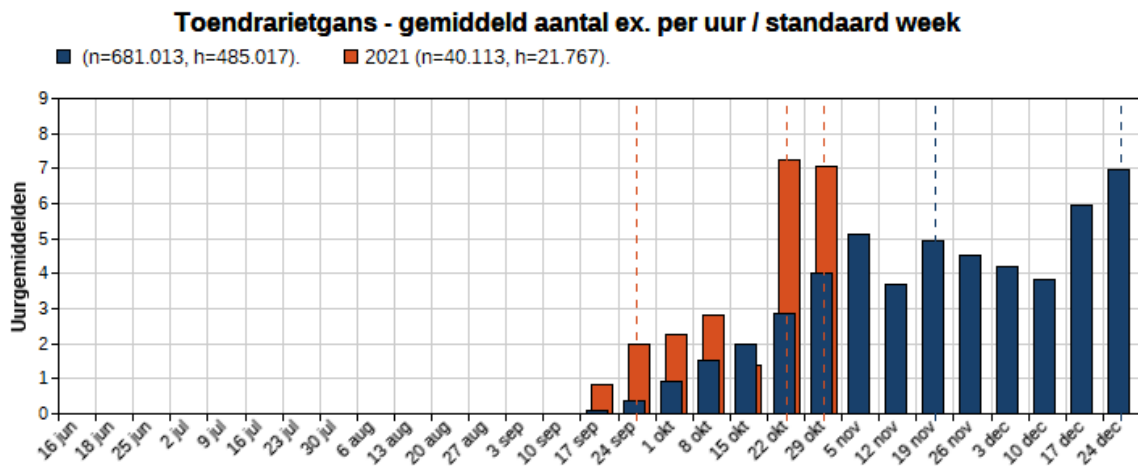
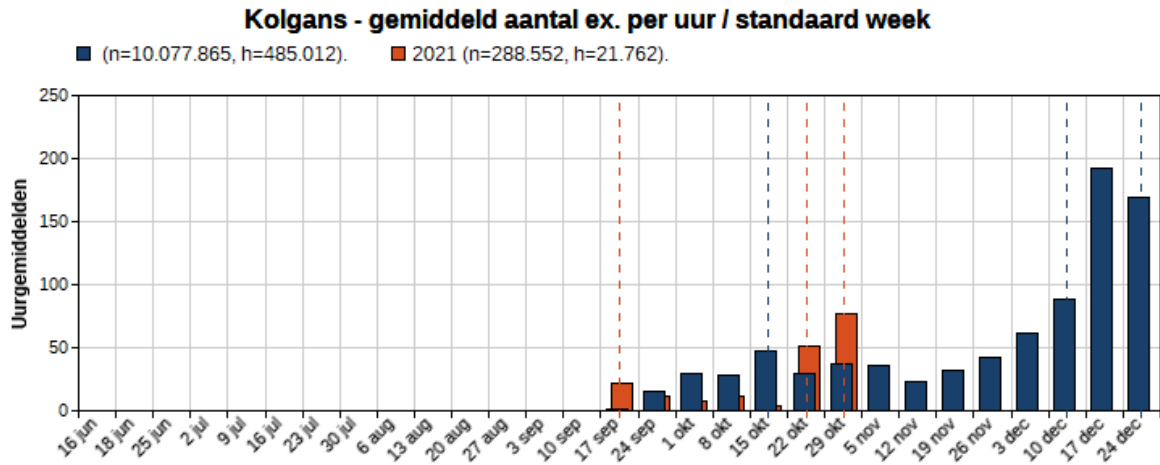
Bijlage 2 Bronnen

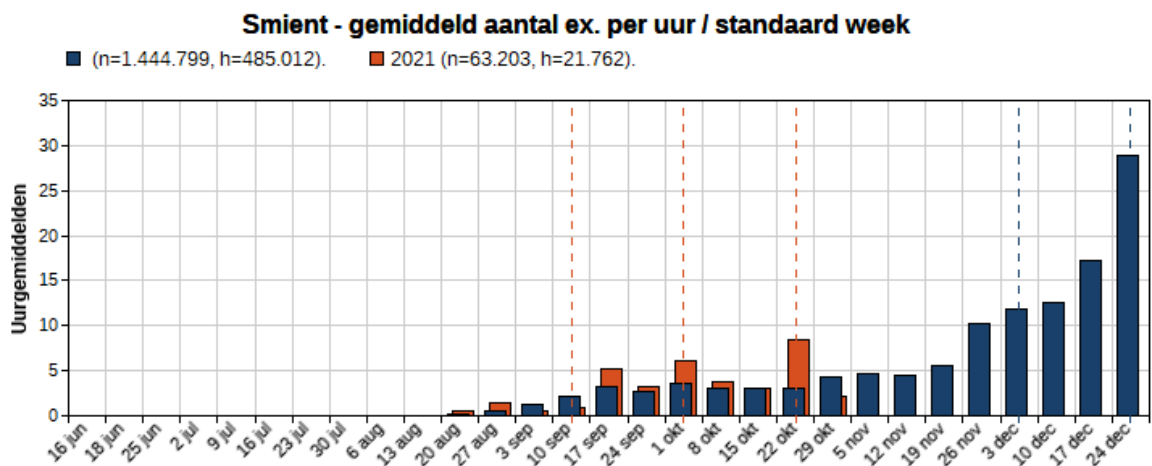
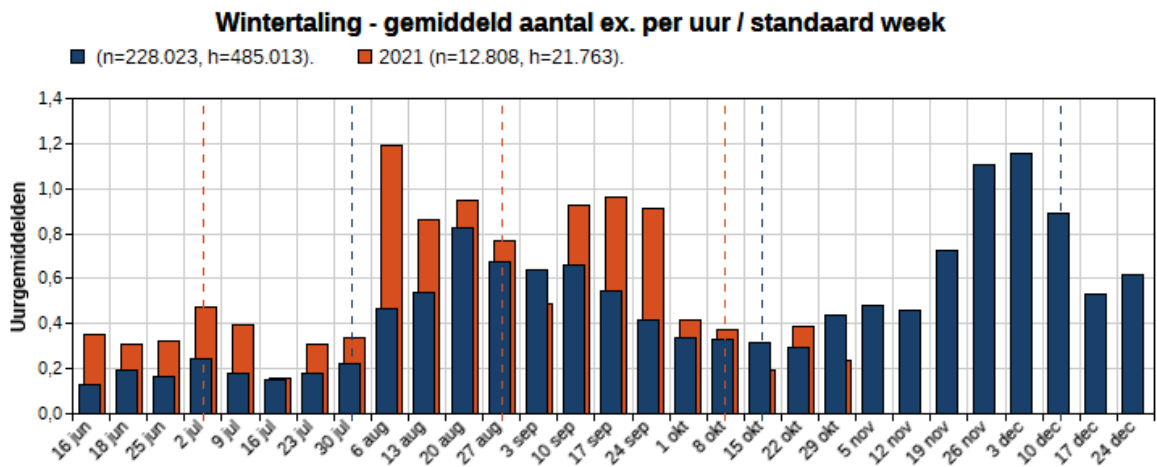
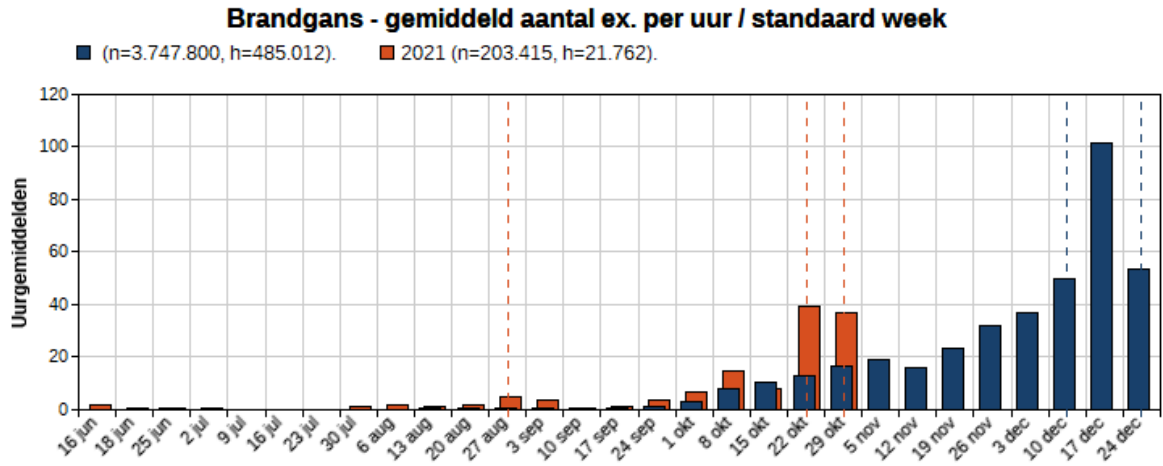
Voor de data van deze rapid risk assessments kunnen de volgende bronnen worden geraadpleegd:

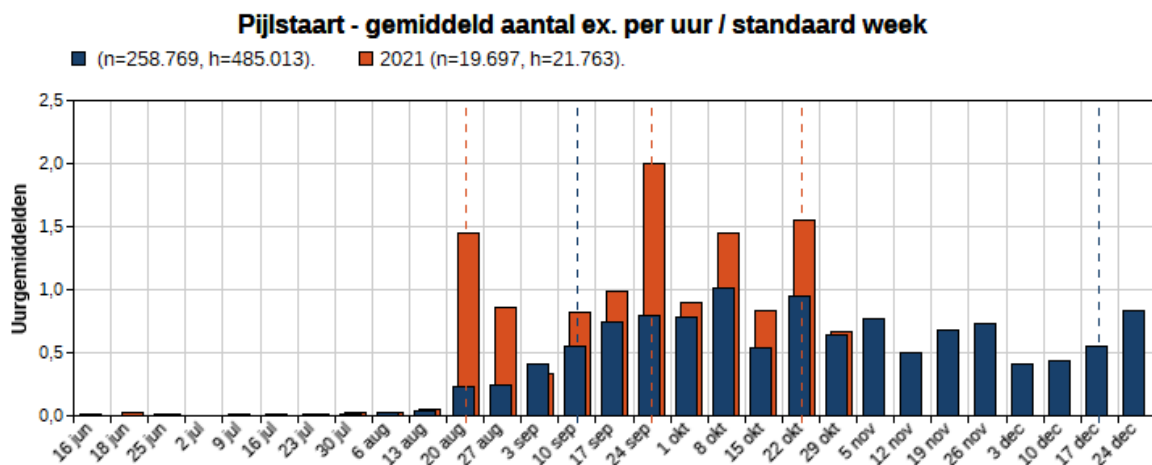
- FAO Empres-i (<https://empres-i.review.fao.org/#/>)
- ProMed (<http://www.promedmail.org/>)
- OIE, weekly disease information van World animal Health Information Database (WAHID) (<https://wahis.oie.int/#/home>).
- Animal Disease Notification System (ADNS) (https://ec.europa.eu/food/animals/animal-diseases/not-system_en).
- Correspondentie van Chief Veterinary Officers Europa
- WHO situation updates – Avian Influenza (http://www.who.int/influenza/human_animal_interface/avian_influenza/archive/en/)
- Risicoanalyses voor de commerciële pluimveesector met betrekking tot het risico op AI door internationale handel binnen de pluimveesector geschreven door de NVWA.
- Deskundigheid van SOVON voor aanvullende informatie omtrent het natuurlijk gedrag van wilde vogels.
- Europees referentie laboratorium (<https://www.izsvenezie.com/reference-laboratories/avian-influenza-newcastle-disease/europe-update/>)

Eerst wordt data van Empres-i, welke in verbinding staat met de database van de OIE, geëxporteerd voor gerapporteerde HPAI virus introducties in pluimvee en wilde vogels in de wereld, Europa en Nederland. Vervolgens wordt de data, indien nodig, aangevuld met data van de OIE, Promed, ADNS en Flulabnet en, indien aanwezig, de correspondentie van de Chief Veterinary Officers van Europa. Voor risico's op humaan gebied wordt de site van de WHO geraadpleegd. SOVON verstrekt achtergrondinformatie over de trekroutes en migratie jaargetijden van de met HPAI virus besmette wilde vogelspecies die zijn gevonden in Europa of Nederland.

Bijlage 3 Doortrekverloop diverse vogels







Figuur 1. Doortrekverloop van a) Kogans, b) Toendrarietgans, c) Grauwe gans, d) Brandgans, e) Wintertaling, f) Smient, g) Pijlstaart in Nederland op basis van vogeltrektellingen. Bron: www.trektellen.nl.

Wageningen Bioveterinary Research
Postbus 65
8200 AB Lelystad
T 0320 23 82 38
info.bvr@wur.nl
www.wur.nl/bioveterinary-research

De missie van Wageningen University & Research is 'To explore the potential of nature to improve the quality of life'. Binnen Wageningen University & Research bundelen Wageningen University en gespecialiseerde onderzoeksinstituten van Stichting Wageningen Research hun krachten om bij te dragen aan de oplossing van belangrijke vragen in het domein van gezonde voeding en leefomgeving. Met ongeveer 30 vestigingen, 5.000 medewerkers en 10.000 studenten behoort Wageningen University & Research wereldwijd tot de aansprekende kennisinstellingen binnen haar domein. De integrale benadering van de vraagstukken en de samenwerking tussen verschillende disciplines vormen het hart van de unieke Wageningen aanpak.
