

Bacteriologische voedselveiligheid – wat leeft er op het lab?

Menno van der Voort

Samenvatting

Laboratoriumonderzoek binnen de bacteriologische voedselveiligheid richt zich op het kwantitatief bepalen en kwalitatief aantonen van micro-organismen in de voedselketen. Klassieke kweekmethoden vormen nog altijd de basis van dit onderzoek, maar worden steeds vaker aangevuld met moleculaire en meer geavanceerde technieken, zoals chromogene media en whole genome sequencing. Door steeds verdergaande karakterisering van isolaten ontstaat bovendien meer inzicht in eigenschappen als resistentie en virulentie, wat bijdraagt aan een risicogerichte benadering van voedselveiligheid. Voedselveiligheid wordt steeds breder benaderd. Niet alleen voedselmonsters maar ook andere monster-typen worden onderzocht, zoals omgevings-, proces- en primaire productiemonsters. Besmettingsroutes kunnen zo beter in kaart kunnen worden gebracht en risico's eerder worden beheerst.

Het microbiologisch laboratorium vervult een centrale rol in de monitoring van de voedselketen door complexe monstertypen, analysetechnieken en resultaten samen te brengen tot betrouwbare en interpreteerbare kennis over microbiologische risico's. Dit artikel geeft een overzicht van de huidige en toekomstige laboratoriumanalyses voor bacteriologische voedselveiligheid.

Summary

Laboratory research in the field of bacteriological food safety focuses on the quantitative determination and qualitative detection of microorganisms throughout the food chain. Classical culture-based methods continue to form the foundation of this research but are increasingly complemented by molecular and more advanced techniques, such as chromogenic media and genomics. The progressive characterization of isolates provides deeper insight into properties such as antimicrobial resistance and virulence, thereby supporting a more risk-based approach to food safety. Food safety assessment is increasingly broadened by extending analyses beyond food products to include environmental samples, process samples, and

samples from primary production, enabling better identification of contamination routes and earlier control of potential risks. The microbiological laboratory plays a leading role in monitoring the food chain by integrating complex sample types, analytical techniques, and results in reliable and interpretable knowledge of microbiological hazards. This article provides an overview of current and future laboratory analyses for bacteriological food safety.

Introductie

Bacteriologische voedselveiligheid speelt een essentiële rol bij het waarborgen van veilige en kwalitatief hoogwaardige voeding. Micro-organismen zijn van nature aanwezig in voedsel en de voedselketen. Pathogene bacteriën vormen een risico voor de volksgezondheid doordat zij ziekte kunnen veroorzaken, terwijl niet-pathogene bacteriën vooral kunnen bijdragen aan kwaliteitsverlies en economische schade. Het microbiologisch laboratorium maakt deze onzichtbare wereld zichtbaar en vertaalt dit naar bruikbare informatie voor monitoring, risicobeoordeling en beleid [1]. Zo heeft het microbiologisch laboratorium een centrale rol in het waarborgen van de voedselveiligheid.

Bacteriologisch onderzoek heeft verschillende doelen. Enerzijds richt het onderzoek zich op het kwalitatief aantonen van pathogenen, zoals *Salmonella*, *Listeria monocytogenes* en STEC, waarbij de aanwezigheid zelf bepalend kan zijn voor productacceptatie. Anderzijds wordt het kwantitatief bepalen van micro-organismen uitgevoerd, bijvoorbeeld door tellingen van indicator- en bederforganismen, die inzicht geven in hygiëne, procesbeheersing en houdbaarheid. Daarnaast zijn tellingen van pathogenen ook van grote waarde als input voor risicobeoordelingen [2].

Wageningen Universiteit & Research, Wageningen Food Safety Research, dr. M. van der Voort, onderzoeker microbiologie.

Correspondentieadres: menno.vandervoort@wur.nl.

De methoden die in het laboratorium worden toegepast, zijn de afgelopen decennia sterk geëvolueerd. Klassieke kweekmethoden vormen nog steeds de basis van microbiologisch onderzoek, maar worden steeds vaker aangevuld met moleculaire technieken, snelle screeningmethoden en geavanceerde typeringsinstrumenten. Deze ontwikkelingen maken snellere, maar ook bredere detectie mogelijk, waardoor verschillende soorten en stammen per monster in beeld kunnen worden gebracht [3]. Daarnaast kan bacteriologisch onderzoek ook meer inzicht geven in eigenschappen als virulentie, resistentie en genetische verwantschap.

Het laboratorium vervult een steeds bredere rol: het is niet alleen uitvoerder van analyses maar ook een kenniscentrum dat bijdraagt aan een risicogerichte en toekomstbestendige benadering van bacteriologische voedselveiligheid. In dit artikel worden de ontwikkelingen binnen de laboratoriumwerkzaamheden op het gebied van voedselveiligheid verder toegelicht en wordt aangegeven hoe deze ontwikkelingen bijdragen aan het optimaliseren en borgen van de voedselveiligheid. Allereerst komen de soorten monsters en de verschillen die hierbij worden gezien, aan de orde; daarna de methoden die worden toegepast en welke ontwikkelingen er zijn op dat gebied; ten slotte worden de bevestigings- en typeringsanalyses toegelicht. Dit geeft een overzicht van wat er op dit moment "leeft op het lab".

Monsters

Binnen de voedselketen kunnen zeer uiteenlopende typen monster worden onderzocht om microbiologische risico's in beeld te brengen. Deze variëren van primaire monsters zoals grondstoffen, bodem, water en mest, tot procesmonsters tijdens voedselproductie en eindproducten die bestemd zijn voor de consument. Consumentenproducten zijn daarnaast uitermate divers: vers vlees, vis, zuivel, eieren, groenten en fruit, kant-en-klare maaltijden, bakkerijproducten, dranken en baby- en speciaalvoeding vormen typische eindproducten. Daarnaast spelen omgevingsmonsters, zoals swabs van apparatuur, werkoppervlakken, vloeren en afvoeren, een steeds belangrijkere rol bij het begrijpen van besmettingsroutes [4].

Elk type monster kent zijn eigen microbiologische samenstelling, matrixeigenschappen en analysetechnische uitdagingen. Zo bevatten primaire

monsters vaak een hoge achtergrondflora en organisch materiaal dat detectie kan verstoren, terwijl eindproducten door bewerking gestreste of beschadigde bacteriën kunnen bevatten. Daarnaast kunnen matrices inhiberende factoren bevatten zoals lage of hoge pH, een hoge zoutconcentratie, conserveermiddelen, fenolische verbindingen, organische zuren en antimicrobiële componenten (bijvoorbeeld kruiden of rookbestanddelen), die de groei of detectie van pathogenen kunnen remmen. Omgevingsmonsters hebben doorgaans een lage bacteriële last, maar zijn kritisch omdat zij gebruikt kunnen worden om persistent aanwezige pathogenen te signaleren voordat productbesmetting optreedt. Mest- en diergerelateerde monsters vormen een extra uitdaging door hun extreme complexiteit en hoge microbiologische diversiteit [5].

De grote variatie in monstertypen maakt het onmogelijk om één universele analysemethode toe te passen. Laboratoria moeten daarom balanceren tussen gevoeligheid, selectiviteit, doorlooptijd en praktische uitvoerbaarheid. Het ontwikkelen en onderhouden van methoden die geschikt zijn voor deze brede schakering aan monsters vraagt om voortdurende optimalisatie, kennis van de voedselketen en een risicogestuurde onderzoeksstrategie.

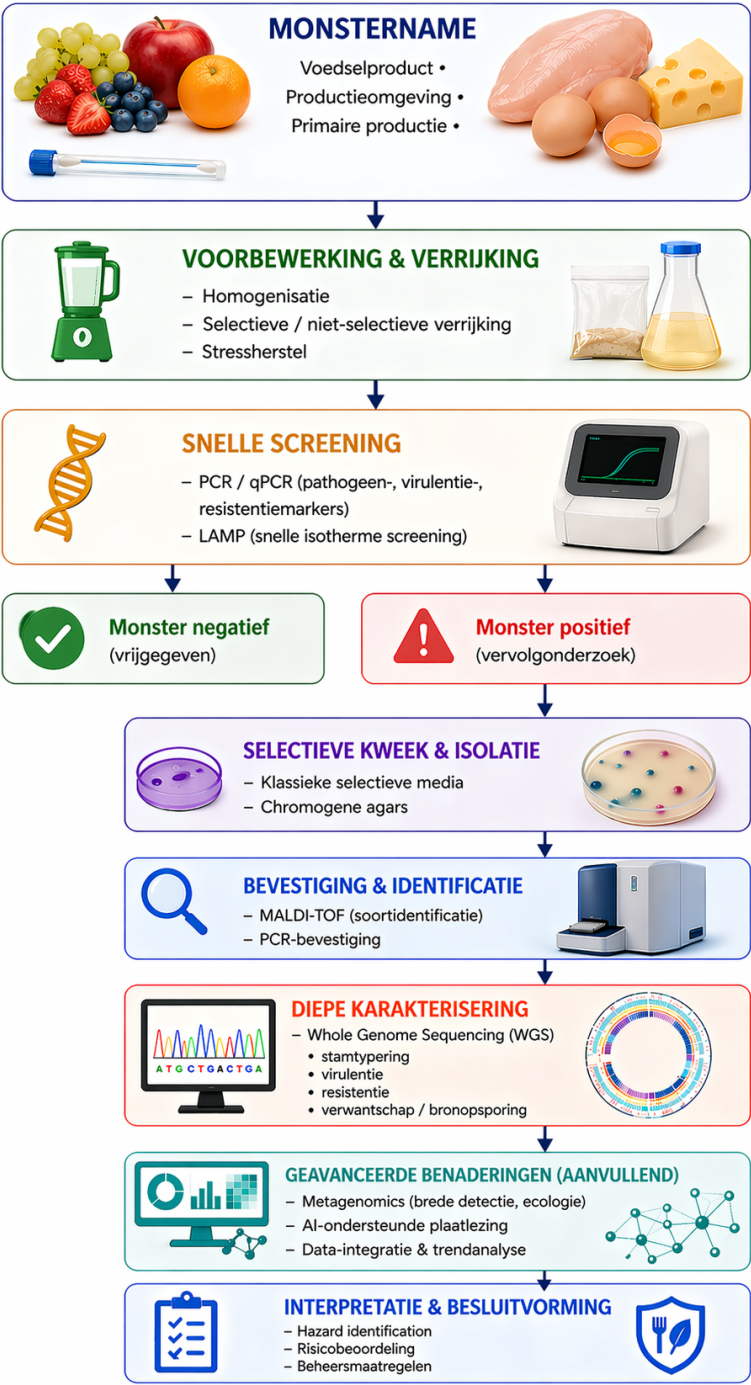
Analysemethoden

Hoewel voedselpathogenen vaak als groep worden genoemd, verschillen zij sterk in hun biologische eigenschappen én in de wijze waarop zij in het laboratorium worden opgespoord. Dit resulteert in uiteenlopende detectiestrategieën, variërend van uitgebreide kweekprocedures tot aanvullende moleculaire methoden.

Verrijking

Salmonella spp. is een klassiek voorbeeld van een goed karakteriseerbare voedselpathogeen waarvoor internationaal gestandaardiseerde detectiemethoden beschikbaar zijn. Eerst vindt een niet-selectieve voorverrijking plaats (bijvoorbeeld in gebufferd peptonwater), waarmee beschadigde cellen de kans krijgen te herstellen. Vervolgens worden één of twee selectieve verrijkingen toegepast, zoals RVS- of MKTTn-bouillon, die de groei van *Salmonella* bevorderen terwijl achtergrondflora wordt onderdrukt. Na verrijking worden monsters uitgeplaat op selectieve en differentiële agarplaten, zoals XLD-, Hektoen- of

Figuur 1. Het analyseproces rond bacteriologische voedselveiligheid.



Brilliance Salmonella agar. Op deze platen vertoont *Salmonella* een karakteristieke koloniemorfologie, dat visuele herkenning mogelijk maakt [6].

Gengebaseerde aanpak

Voor de detectie van Shiga-toxine producerende *Escherichia coli* (STEC) geldt het tegenovergestelde. STEC vormt geen eenduidige, homogene groep en omvat verschillende serotypen, waarvan O157:H7 historisch het bekendst is, maar waarvan niet-O157-STEC steeds belangrijker worden. In tegenstelling tot *Salmonella* beschikt STEC doorgaans niet over unieke metabole eigenschappen die sterke selectieve kweek mogelijk maken. Hierdoor is het aantal werkelijk selectieve agarplaten beperkt, vooral voor niet-O157-STEC. Om die reden is de detectiestrategie bij STEC een gengebaseerde aanpak. Na een (milde) verrijking wordt het monster onderzocht met PCR op de aanwezigheid van *stx*-genen en vaak ook het *eae*-gen, een gen dat geassocieerd is met hechting aan darmcellen [7]. Een positief PCR-resultaat betekent echter niet automatisch dat een levend pathogeen is geïsoleerd. Het daadwerkelijk vinden van een STEC-isolaat uit een complex monster blijft een grote uitdaging en vereist vaak aanvullende stappen, zoals immunomagnetische scheiding of uitgebreide uitplaatstrategieën.

Moleculaire screening

Dit fundamentele verschil met *Salmonella* illustreert de diversiteit van methodes die worden toegepast voor de detectie van voedselpathogenen: terwijl bij veel pathogenen de kweek centraal staat en moleculaire technieken ondersteunend zijn, is bij STEC en steeds meer soorten de moleculaire detectie de eerste en belangrijkste stap. Binnen de bacteriologische voedselveiligheid wordt dan ook steeds vaker moleculaire screening geïntegreerd in routinematige analyses. Hierbij wordt na een (korte) verrijkingstap het monster onderzocht op de aanwezigheid van specifieke genetische markers. PCR is hierbij de meest toegepaste methode. Bij een negatieve screening kunnen monsters snel worden vrijgeven, terwijl positieve resultaten doelgericht vervolgonderzoek initiëren, zoals kweek en isolatie. Deze benadering is standaard voor STEC en ook gangbaar voor *Yersinia enterocolitica*. Voor deze beide pathogenen staat de screening beschreven in ISO standaarden [7, 8]. Daarnaast wordt screening ook steeds breder

toegepast voor *Salmonella* [9]. De toenemende inzet van screeningmethoden draagt bij aan efficiëntere laboratoriumlogistiek, snellere besluitvorming en een meer risicogestuurde inzet van klassieke kweekmethoden, terwijl de voedselveiligheidscontroles betrouwbaar blijven.

Media

Binnen de voedselmicrobiologie worden uiteenlopende selectieve en differentiële media toegepast om doelorganismen te isoleren uit monsters met een complexe achtergrondflora. Complexe achtergrondflora in voedsel- en omgevingsmonsters kan de detectie van specifieke pathogenen bemoeilijken doordat sneller groeiende micro-organismen de specifieke groei van het pathogeen en de herkenning hiervan maskeren. Daarom stellen matrices met complexe achtergrondflora hoge eisen aan verrijkingstappen, selectieve media en interpretatie. Traditionele selectieve media, zoals XLD (*Salmonella*), VRBG (Enterobacteriaceae) of PALCAM (*L. monocytogenes*), remmen de groei van ongewenste micro-organismen en maken onderscheid mogelijk op basis van biochemische reacties. In toenemende mate worden deze media aangevuld of vervangen door chromogene agars, waarin specifieke enzymreacties leiden tot karakteristieke koloniekleuren. Dit vereenvoudigt de visuele herkenning van pathogenen zoals *Salmonella*, *Listeria monocytogenes* en *Bacillus cereus*, wat een zeer waardevolle ondersteuning biedt bij aanwezigheid van achtergrondflora [10,11]. De verdere ontwikkeling van chromogene media draagt bij aan efficiëntere, meer betrouwbare en beter gestandaardiseerde microbiologische analyses. De verwachting is dat niet alleen bekende voedselpathogenen maar ook eventueel nieuwe gevaren, zoals opkomende pathogenen, snel in beeld zullen komen. Opkomende pathogenen in voedsel zijn micro-organismen die of nieuw zijn geïntroduceerd, of in frequentie toenemen, of waarvan het belang voor de volksgezondheid pas recent is onderkend. Voorbeelden zijn bepaalde *Vibrio*-stammen, *Yersinia enterocolitica* en antibioticumresistente varianten van bekende pathogenen. Veranderingen in voedselproductie, consumptiepatronen, globalisering en klimaat dragen bij aan hun opkomst [12]. Detectie van opkomende pathogenen vormt een uitdaging doordat gestandaardiseerde kweekmethoden vaak ontbreken en achtergrondflora de opsporing bemoeilijkt. Het

belang van moleculaire screening, brede detectie-strategieën en continue herziening van analyse-methoden om nieuwe microbiologische risico's tijdig te herkennen en te beheersen wordt hiermee groter.

Dit alles laat zien dat voedselpathogenen geen uniforme detectiebenadering toelaten. De keuze van methoden is sterk afhankelijk van de biologische eigenschappen van het micro-organisme, de matrix en het risico voor de volksgezondheid. Dit is een van de factoren die bacteriologisch voedselveiligheids-onderzoek complex maken.

Bevestiging en typering

Bevestiging

Na detectie en isolatie van verdachte micro-organismen is bevestiging een cruciale stap binnen bacteriologisch voedselveiligheidsonderzoek. Hier-voor worden uiteenlopende technieken ingezet, elk met een eigen rol en informatiewaarde. PCR wordt veel gebruikt voor snelle en gerichte bevestiging op basis van soortspecifieke genen of virulentiemarkers. Deze methode is gevoelig, snel en goed te standaardiseren, maar levert doorgaans beperkte informatie op over verdere stamkenmerken. Malditof-massaspectrometrie wordt breed toegepast voor routinematige identificatie van geïsoleerde kolonies. Op basis van eiwitprofielen kan snel en betrouwbaar tot op soortniveau worden geïdentificeerd, wat deze techniek zeer geschikt maakt voor *high-throughput*-laboratoria. *Whole genome sequencing* (WGS) gaat aanzienlijk verder en maakt bevestiging mogelijk op het hoogste resolutieniveau. Naast soort- en stamidentiteit biedt WGS informatie over virulentie, resistentie en genetische verwantschap. Afhankelijk van het doel worden deze technieken gecombineerd om tot een robuuste en onderbouwde bevestiging te komen [13]. Naast detectie en isolatie van voedselpathogenen speelt typering van bacteriestammen een steeds belangrijkere rol binnen de bacteriologische voedselveiligheid. Waar klassieke typeringsmethoden vaak beperkt waren tot serotypering of fenotypische kenmerken, maken moleculaire technieken het mogelijk om stammen veel nauwkeuriger van elkaar te onderscheiden. Aanvankelijk werd hiervoor voornamelijk PCR-gebaseerde typering toegepast, gericht op de aanwezigheid of afwezigheid van specifieke genen, zoals virulentie- of resistentiemarkers.

De introductie van WGS heeft dit enorm veranderd. Met WGS wordt het volledige genoom van een isolaat

in kaart gebracht, waardoor zeer kleine genetische verschillen tussen stammen zichtbaar worden. Dit heeft bijzonder veel opgeleverd voor bronopsporing en uitbraakonderzoek, zowel op nationaal als Europees niveau. WGS-analyse is bij voedseluitbraken dan ook verplicht gesteld en wordt binnen de Europese Unie toegepast vanaf 23 augustus 2026, conform Uitvoeringsverordening (EU) 2025/179. Door genetische profielen van isolaten uit voedsel, omgeving, dieren en patiënten te vergelijken, kunnen besmettingsroutes nauwkeurig worden gereconstrueerd en internationale verbanden worden gelegd [13]. Dankzij gezamenlijke databanken en gestandaardiseerde analysemethoden is WGS uitgegroeid tot een krachtig instrument voor samenwerking tussen laboratoria en autoriteiten [14]. Door deze meer kennisgedreven benadering wordt voedselveiligheid steeds meer preventief in plaats van reactief aangepakt.

Typering

Naast het in kaart brengen van besmettingsroutes speelt typering van bacteriestammen een steeds belangrijkere rol bij de karakterisering van microbiologische gevaren in de voedselketen [15]. De aanwezigheid van een pathogene bacteriesoort op zichzelf vormt een potentieel risico, en daar wordt handhaving op gebaseerd. Maar niet alle stammen binnen een soort beschikken over dezelfde eigenschappen met betrekking tot virulentie, toxineproductie of antimicrobiële resistentie. Moleculaire typering maakt het mogelijk deze verschillen bloot te leggen. Met PCR-gebaseerde methoden kunnen specifieke virulentiegenen, resistentiegenen of toxinecoderende elementen worden aangetoond, waardoor onderscheid kan worden gemaakt tussen hoog- en laagrisico-isolaten. Ook voor karakterisering van bacteriestammen wordt WGS meer en meer toegepast, aangezien hiermee het volledige genetische potentieel van een stam zichtbaar kan worden gemaakt [16]. De gevaarclassificatie van stammen wordt niet gebruikt bij handhaving, maar deze verdieping is essentieel voor de identificatie van microbiologische gevaren binnen risicobeoordelingen. Door kenmerken zoals invasiviteit, toxineprofiel en adaptatievermogen mee te nemen, kan het gevaar nauwkeuriger worden gedefinieerd. Dit ondersteunt een meer genuanceerde en risicogerichte benadering van voedselveiligheid, met de focus meer gericht op specifieke voedselketens.

Diversiteit

De aanwezigheid van verschillende stammen van één pathogeen binnen één monster vormt een belangrijke, maar vaak onderschatte uitdaging binnen de bacteriologische voedselveiligheid. Traditioneel wordt een monster positief verklaard op basis van de detectie en isolatie van één representatief isolaat. In werkelijkheid kan een monster echter een heterogene populatie bevatten, bestaande uit genetisch en functioneel verschillende stammen van hetzelfde micro-organisme [17,18]. Deze intrasoortelijke diversiteit heeft directe gevolgen voor de wijze waarop microbiologische gevaren worden geïdentificeerd en beoordeeld. Wanneer slechts één isolaat wordt geanalyseerd, bestaat het risico dat een hoog-risicostam onopgemerkt blijft, terwijl een minder virulente stam wordt gekarakteriseerd. Dit kan leiden tot een onderschatting van het werkelijke microbiologische gevaar.

Moderne moleculaire technieken, zoals PCR-screening en vooral WGS, maken steeds duidelijker dat een dergelijke diversiteit vaker voorkomt dan eerder werd aangenomen. Dit geldt met name voor pathogenen zoals STEC, *Salmonella* en *Listeria monocytogenes*. Het herkennen van meerdere stammen binnen één monster benadrukt de noodzaak van meervoudige isolatie en diepere genetische analyse. Hierdoor ontstaat een realistischer beeld van het risico en kunnen beheersmaatregelen beter worden afgestemd op de meest relevante gevaren binnen de voedselketen.

Breed meten

De metagenomica biedt een innovatieve benadering voor de detectie van voedselpathogenen door het analyseren van al het genetisch materiaal dat in een monster aanwezig is. Hierdoor kunnen meerdere pathogenen, indicatororganismen en achtergrondflora gelijktijdig worden gedetecteerd, inclusief micro-organismen die moeilijk of niet kweekbaar zijn. Deze techniek maakt het mogelijk om inzicht te krijgen in diversiteit (ook binnen een soort), relatieve abundanties en potentiële virulentie- en resistentiegenen. Tegelijkertijd kent deze aanpak belangrijke beperkingen: de relatie tussen genetische detectie en levensvatbaarheid blijft onduidelijk, de gevoeligheid voor laag voorkomende pathogenen is matrix-afhankelijk en data-analyse vraagt specialistische

expertise. Hierdoor is de metagenomica momenteel vooral een aanvullende, exploratieve techniek en geen vervanging van routinematige kweek- en PCR-methoden [16].

Onderwerpen voor de toekomst

De toekomst van bacteriologisch voedselveiligheids-onderzoek wordt in toenemende mate bepaald door vraagstukken die verder gaan dan klassieke detectie en isolatie. Een belangrijk thema is het fenomeen van *viable but non culturable* (VBNC) bacteriën. Deze micro-organismen zijn levensvatbaar en potentieel infectieus, maar groeien niet onder standaard kweekcondities. Dit plaatst fundamentele vragen bij de interpretatie van negatieve kweekresultaten en benadrukt de noodzaak van aanvullende detectie-strategieën [19].

Daarnaast krijgt de expressie van genen steeds meer aandacht. Moleculaire technieken tonen de aanwezigheid van virulentie en resistentiegenen aan, maar zeggen weinig over de daadwerkelijke expressie daarvan onder specifieke omgevings of matrix-condities. Toekomstig onderzoek zal zich daarom richten op het beter begrijpen van wanneer en onder welke omstandigheden genetisch potentieel daadwerkelijk leidt tot risico's voor de volksgezondheid [15]. De toepassing van kunstmatige intelligentie (AI) in microbiologische laboratoria biedt nieuwe mogelijkheden voor bijvoorbeeld het automatisch herkennen en tellen van kolonies op agarplaten. Door gebruik te maken van beeldanalyse en machine learning-algoritmen kunnen kolonietellingen worden bepaald. AI-systemen kunnen worden getraind om variatie in koloniegrootte, kleur en morfologie te herkennen, zelfs op platen met hoge dichtheid of onregelmatige groei. Hoewel menselijke controle voorlopig noodzakelijk blijft, kan AI ondersteunde kolonietelling bijdragen aan efficiëntere workflows en een verdere automatisering van bacteriologisch voedselveiligheids-onderzoek [20].

Conclusie

Bacteriologische voedselveiligheid is een dynamisch en veelzijdig vakgebied waarbij het laboratorium een centrale rol speelt. De vraag "wat leeft er op het lab?" blijkt veelomvattend en strekt zich uit over een breed spectrum van micro-organismen, monstertypen en analysemethoden. Van klassieke voedselpathogenen

zoals *Salmonella* en *Listeria monocytogenes* tot opkomende pathogenen (bijvoorbeeld *Vibrio* spp.) en indicatororganismen (bijvoorbeeld *E. coli*): elk micro-organisme vraagt een specifieke benadering, afgestemd op zijn biologische eigenschappen en het bijbehorende risico voor de volksgezondheid.

De diversiteit binnen de voedselketen, met monsters uit grondstoffen, processtappen, eindproducten, omgevingen en zelfs mest, stelt hoge eisen aan laboratoriummethoden en expertise. Een uniforme analysemethode volstaat niet; in plaats daarvan is een combinatie van klassiek microbiologisch onderzoek en moderne moleculaire technieken noodzakelijk voor snelle en efficiënte detectie. De opkomst van moleculaire typering, en met name WGS, heeft het inzicht in voedselpathogenen sterk verdiept. Hiermee kan niet alleen bronopsporing op nationaal en internationaal niveau worden uitgevoerd, maar ook een meer verfijnde identificatie van microbiologische gevaren plaatsvinden. Bovendien maakt toenemend inzicht in stamdiversiteit binnen één monster duidelijk dat microbiologische risico's complexer zijn dan eerder werd aangenomen.

Alles bij elkaar verschuift bacteriologisch voedselveiligheidsonderzoek steeds meer van een reactieve controle naar een integrale, risicogestuurde benadering, waarin detectie, typering en interpretatie samenkomen. Het laboratorium fungeert daarbij niet alleen als analyserend orgaan, maar ook als kenniscentrum dat actief bijdraagt aan het beheersen en voorkomen van microbiologische gevaren in de voedselketen.

Referenties

1. Focker M, van Asselt ED, van der Fels-Klerx HJ. Designing a risk-based monitoring plan for pathogens in food: A review. *Food Control*. 2023;143:109319. doi: <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2022.109319>.
2. van der Vossen-Wijmenga WP, Serra-Castelló C, den Besten HMW, Zwietering MH. Analysing quantitative microbiological risk assessments: from modelling approaches to informed decision-making and risk communication. *Current Opinion in Food Science*. 2025;64:101326. doi: <https://doi.org/10.1016/j.cofs.2025.101326>.
3. Hadi J, Rapp D, Dhawan S, Gupta SK, Gupta TB, Brightwell G. Molecular detection and characterization of foodborne bacteria: Recent progresses and remaining challenges. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*. 2023;22(3):2433-64. doi: <https://doi.org/10.1111/1541-4337.13153>.
4. Griffith C. Surface Sampling and the Detection of Contamination. *Handbook of Hygiene Control in the Food Industry*. 2016:673-96. Epub 20160715. doi: [10.1016/b978-0-08-100155-4.00044-3](https://doi.org/10.1016/b978-0-08-100155-4.00044-3). PubMed Central PMCID: PMC7152397.
5. FAO/WHO. Microbiological hazards in fresh fruits and vegetables. Microbiological Risk Assessment Series No. 14. Rome: FAO / WHO. 2007.
6. ISO. ISO 6579-1:2017 Microbiology of the food chain — Horizontal method for the detection, enumeration and serotyping of *Salmonella* Part 1: Detection of *Salmonella* spp. 2017.
7. ISO. ISO/TS 13136:2012 Microbiology of food and animal feed — Real-time polymerase chain reaction (PCR)-based method for the detection of food-borne pathogens — Horizontal method for the detection of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) and the determination of O157, O111, O26, O103 and O145 serogroups. 2012.
8. ISO. ISO/TS 18867:2015 Microbiology of the food chain — Polymerase chain reaction (PCR) for the detection of food-borne pathogens — Detection of pathogenic *Yersinia enterocolitica* and *Yersinia pseudotuberculosis*. 2015.
9. Heymans R, Vila A, van Heerwaarden CAM, et al. Rapid detection and differentiation of *Salmonella* species, *Salmonella* Typhimurium and *Salmonella* Enteritidis by multiplex quantitative PCR. *PLoS One*. 2018;13(10):e0206316. Epub 20181025. doi: [10.1371/journal.pone.0206316](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0206316). PubMed PMID: 30359449; PubMed Central PMCID: PMC6201931.
10. Fuchs E, Raab C, Brugger K, Ehling-Schulz M, Wagner M, Stessl B. Performance Testing of *Bacillus cereus* Chromogenic Agar Media for Improved Detection in Milk and Other Food Samples. *Foods*. 2022;11(3). Epub 20220121. doi: [10.3390/foods11030288](https://doi.org/10.3390/foods11030288). PubMed PMID: 35159440; PubMed Central PMCID: PMC8834558.
11. Osek J, Lachtara B, Wiczorek K. *Listeria monocytogenes* in foods—From culture identification to whole-genome characteristics. *Food Science & Nutrition*. 2022;10(9):2825-54. doi: <https://doi.org/10.1002/fsn.3.2910>.
12. Focker M, van Asselt ED, Berendsen BJA, et al. Review of food safety hazards in circular food systems in Europe. *Food Research International*. 2022;158:111505. doi: <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2022.111505>.
13. Aladhadh M. A Review of Modern Methods for the Detection of Foodborne Pathogens. *Microorganisms*. 2023;11(5). Epub 20230424. doi: [10.3390/microorganisms11051111](https://doi.org/10.3390/microorganisms11051111). PubMed PMID: 37317085; PubMed Central PMCID: PMC10221273.
14. Coipan CE, Friesema IHM, van Hoek A, et al. New insights into the epidemiology of *Listeria monocytogenes* - A cross-sectoral retrospective genomic analysis in the Netherlands (2010-2020). *Front Microbiol*. 2023;14:1147137. Epub 20230406. doi: [10.3389/fmicb.2023.1147137](https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1147137). PubMed PMID: 37089559; PubMed Central PMCID: PMC10118018.
15. Mather AE, Gilmour MW, Reid SWJ, French NP. Foodborne bacterial pathogens: genome-based approaches for enduring and emerging threats in a complex and changing world. *Nat Rev Microbiol*. 2024;22(9):543-55. Epub 20240524. doi: [10.1038/s41579-024-01051-z](https://doi.org/10.1038/s41579-024-01051-z). PubMed PMID: 38789668.
16. EFSA Panel on Biological Hazards, Koutsoumanis K, Allende A, et al. Whole genome sequencing and metagenomics for outbreak investigation, source attribution and risk assessment of food-borne microorganisms. *EFSA Journal*. 2019;17(12):e05898. doi: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2019.5898>.
17. Pettengill JB, Rand H, Wang SS, Kautter D, Pightling A, Wang Y. Transient and resident pathogens: Intra-facility genetic diversity of *Listeria monocytogenes* and *Salmonella* from food production environments. *PLOS ONE*. 2022;17(9):e0268470. doi: [10.1371/journal.pone.0268470](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0268470).
18. Nysten J, Sofras D, Van Dijk P. One species, many faces: The underappreciated importance of strain diversity. *PLoS Pathog*. 2024;20(1):e1011931. Epub 20240125. doi: [10.1371/journal.ppat.1011931](https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1011931). PubMed PMID: 38271302; PubMed Central PMCID: PMC10810500.
19. Zhang J, Yang H, Li J, et al. Current Perspectives on Viable but Non-Culturable Foodborne Pathogenic Bacteria: A Review. *Foods*. 2023;12(6):1179. PubMed PMID: [10.3390/foods12061179](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/412061179/).
20. Korpelaar D, de Kruijf P, Litjens RHGM, van der Velden BHM. Colony Grounded SAM2: Zero-shot detection and segmentation of bacterial colonies using foundation models. *arXiv*. 2026(2603.13393).