

# Griepepidemie zet door

Een uitgave van: Nationaal Influenza Centrum (NIC): Rotterdam (Erasmus MC), Bilthoven (RIVM); Utrecht (Nivel)

Nieuwsbrief  
Influenza-  
Surveillance  
2022-2023

## Epidemiologische influenzasituatie in Nederland

In week 51 van 2022 rapporteerden de huisartsen van de Nivel peilstations 7,0 patiënten met influenza-achtig ziektebeeld (IAZ) per 10.000 inwoners (figuur 1, 2). In Nederland spreken we van een epidemie als in twee opeenvolgende weken de influenza activiteit boven de epidemische grens van 5,8 patiënten met IAZ per 10.000 inwoners ligt en er bij een substantieel aantal van de patiënten een influenzavirus gevonden is (Bron: [Nivel](#)). Veel mensen met luchtwegklachten doen nog steeds een COVID-19 zelftest, wat van invloed kan zijn op de gegevens die door de peilstations verzameld worden. Hoewel wij vorige week al **de start van de griepepidemie** aankondigden op basis van een snelle toename van de detecties van influenzavirus bij huisartsen en in ziekenhuizen is dus deze week ook de IAZ incidentie voor het eerst boven de grenswaarde. Er worden ook nog steeds veel andere luchtwegvirussen gedetecteerd in patiënten met respiratoire klachten (zie onder), dus we hebben niet alleen te maken met een griepepidemie.

## Influenzavirusdetecties

In week 51 van 2022 werd in de 50 door peilstationhuisartsen ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ 11 keer (22%) influenza A(H1N1)pdm09 virus gevonden, 9 keer (18%) influenza A(H3N2) virus en 7 keer (14%) (influenza B virus van de Victoria-lijn (figuur 3). In 48 monsters van patiënten met een andere acute respiratoire infectie (ARI) werd 1 keer (2%) influenza A(H1N1)pdm09 virus, 1 keer (2%) influenza A(H3N2) virus en 6 keer (13%) influenza B virus van de Victoria-lijn gevonden. Sinds week 40/2022 is in de 788 door peilstationhuisartsen ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of ARI 45 keer A(H1N1)pdm09 virus, 23 keer influenza A(H3N2) virus en 33 keer influenza B virus van de Victoria-lijn aangetoond. Ook in week 51 werden vaak andere luchtwegvirussen gedetecteerd, vooral de pneumovirussen RSV en HMPV (zie tabel onder).

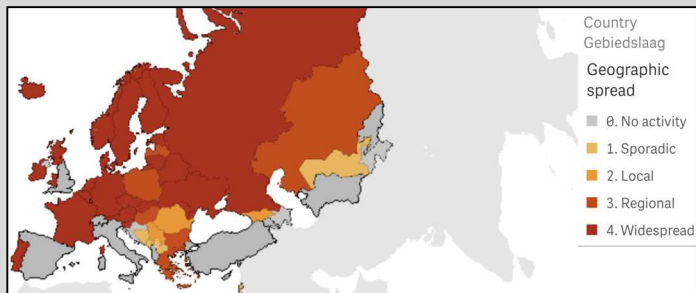
Virus	IAZ (N=50)	ARI (N=48)
Influenza A(H1N1)pdm09 virus	11 (22%)	1 (2%)
Influenza A(H3N2) virus	9 (18%)	1 (2%)
Influenza B virus, Victoria-lijn	7 (14%)	6 (13%)
SARS-CoV-2	6 (12%)	4 (8%)
Humaan seizoens-coronavirus	1 (2%)	1 (2%)
Respiratoir syncytieel virus	5 (10%)	10 (21%)
Humaan metapneumovirus	5 (10%)	9 (19%)
Parainfluenzavirus	0 (0%)	0 (0%)
Rhinovirus	3 (6%)	7 (15%)
Enterovirus	0 (0%)	0 (0%)

Sinds week 40 van 2022 werden in de virologische weekstaten door ziekenhuizen 1642 influenzavirusinfecties gerapporteerd, snel oplopend in aantallen per week (figuur 5). Het betrof 1264 infecties (77%) met influenza A en 378 (23%) met influenza B virus. Er werden dit seizoen door diverse Nederlandse

ziekenhuizen (gedeeltelijk overlappend met de weekstaten) influenzavirus-positieve monsters ingestuurd naar het Nationaal Influenza Centrum voor typering. Sinds week 40 werden via dit circuit 784 monsters ingestuurd, waarvan 231 (29%) met influenza B virus en 553 (71%) met influenza A virus. De verder getypeerde influenza A virussen waren 138 A(H1N1)pdm09 virussen en 136 influenza A(H3N2) virussen, dus ongeveer gelijk verdeeld ingestuurd (figuur 4). Een aantal influenza A virussen (N=279) werd (nog) niet verder gekarakteriseerd. Alle 71 getypeerde influenza B virussen waren van de B/Victoria lijn.

## Viruskarakterisatie

Sinds week 40 werden veel influenzavirussen uit de peilstations, ziekenhuizen en Infectieradar (Bron: [RIVM](#)) door middel van sequencing genetisch gekarakteriseerd. De Nederlandse influenza A(H1N1)pdm09 virussen behoren op 1 na allemaal tot clade 6B.1A.5a.2, waartoe ook de vaccinstam behoort (figuur 6, donker gele stippen), maar zijn toenemend genetisch divers. Alle A(H3N2) virussen vallen in clade 3C.2a1b.2a.2, evenals de vaccinstam, maar deze virussen zijn genetisch zeer divers (figuur 7, groene stippen). De influenza B virussen behoren alle tot clade V1A.3a.2 van de Victoria-lijn, net als de vaccinstam, maar zijn ook genetisch divers (figuur 8, rode stippen). In hoeverre de waargenomen genetische diversiteit bijdraagt aan mogelijke antigenen verschillen ten opzichte van het vaccin voor dit seizoen wordt nog onderzocht.



## De huidige situatie elders

In **Europa** melden veel landen wijdverspreide circulatie van influenzavirus, net als vorige week (zie figuur boven). De afgelopen week nam de intensiteit daarvan, net als in Nederland, in diverse landen toe (Bron: [ECDC](#), [WHO](#)).

In de **Verenigde Staten** neemt de influenza activiteit inmiddels weer licht af na een ongebruikelijk vroege epidemie met een intensiteit zoals we die van voor de COVID-19 pandemie kennen. In **Canada** lijkt de epidemie nog altijd niet over het hoogtepunt heen te zijn. In beide landen zijn de A(H3N2) virussen veruit dominant, met veel minder A(H1N1)pdm09 virussen en nauwelijks detectie van influenza B virussen (Bron: [CDC FluView](#); [Canada Fluwatch](#)).



Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreerde influenza-achtige ziektebeelden (IAZ) per 10.000 inwoners per regio in week 51 van 2022 (bron: Nivel).

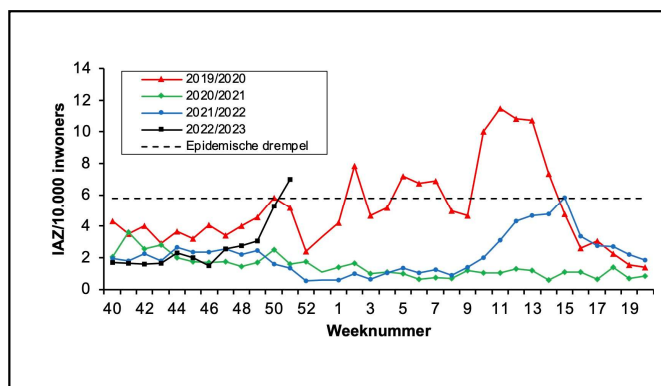


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreerde patiënten met IAZ in 2019-2023 per week en per 10.000 inwoners (bron: Nivel). De stippellijn geeft de epidemische drempel weer.

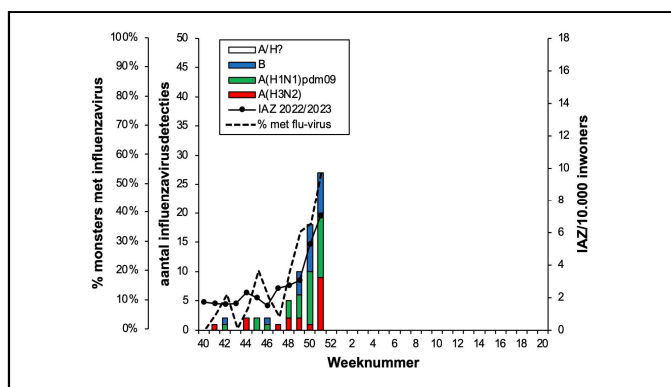


Fig. 3. Aantallen monsters van huisartspatiënten met een IAZ waarin influenzavirus is gedetecteerd en het percentage monsters waarin een influenzavirus werd aangetroffen (y-assen links), en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts) (bron: resp. RIVM en Nivel).

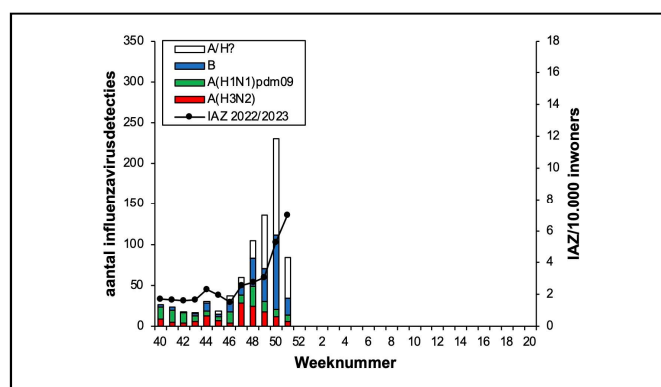


Fig. 4. Aantallen getypeerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria opgestuurde influenzavirus positieve monsters (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). Door het insturen van een selectie van influenzavirus positieve monsters is kwantitatieve interpretatie niet mogelijk (bron: EMC/RIVM en Nivel).

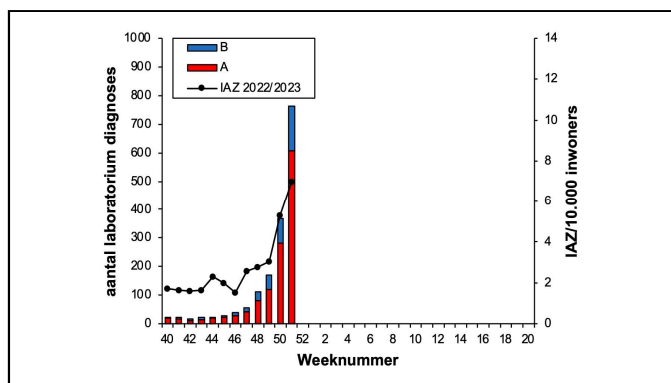


Fig. 5. Aantallen diagnoses van influenzavirus infecties gerapporteerd door de diagnostische laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie nog niet alle laboratoria hun data hebben gerapporteerd (bron: resp. virologische weekstaten en Nivel)

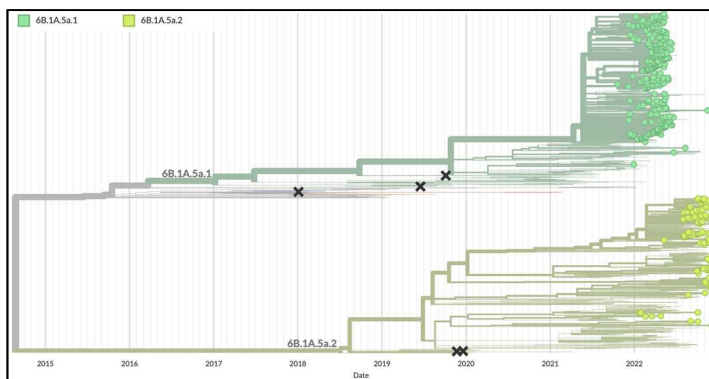


Fig. 6. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H1N1)pdm virussen. De stippen geven Nederlandse virussen weer, met de meest recente uiterst rechts. De onderste zwarte kruisen markeren de huidige vaccinastam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. De Nederlandse A(H1N1)pdm09 virussen van 2022/2023 vallen in Clade 6B.1A.5a.2 (lichtgroen) en 1 in Clade 6B.1A.5a.1 (donkerder groene rechtse stip). Bron: [Nextstrain](#), met dank aan [GISAID](#).

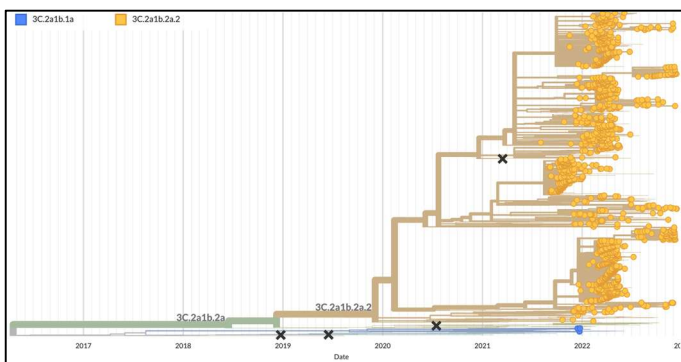


Fig. 7. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De donkergele stippen geven recente Nederlandse virussen weer, met de meest recente uiterst rechts. Het bovenste zwarte kruis markeert de vaccinstam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. De Nederlandse A(H3N2) virussen vallen in Clade 3C.2a1b.2a.2. Bron: [Nextstrain](#), met dank aan [GISAID](#).

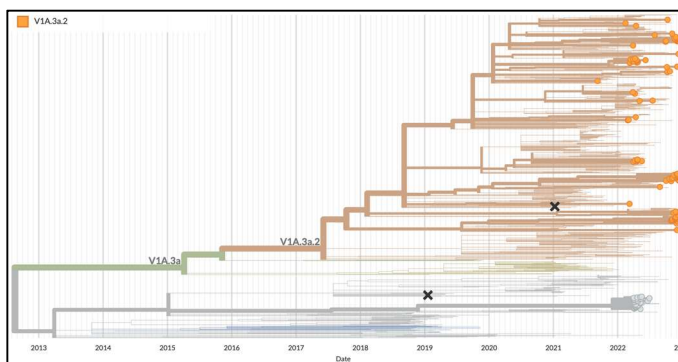


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De oranje stippen geven recente Nederlandse virussen weer, met de meest recente uiterst rechts. Het bovenste zwarte kruis markeert de vaccinstam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. De Nederlandse B virussen vallen in clade V1A.3a.2 (oranje). Bron: [Nextstrain](#), met dank aan [GISAID](#).

### Samenstelling van het influenzavaccin voor 2022/2023

- A/Victoria/2570/2019-achtig H1N1pdm09 virus;
- A/Darwin/9/2021-achtig H3N2 virus;
- B/Austria/1359417/2021-achtig virus (B/Victoria/2/87 lijn);
- B/Phuket/3073/2013-achtig virus (B/Yamagata/16/88 lijn)

In Nederland volgt het Nationaal Programma Grieppreventie in de regel dit WHO advies voor quadrivalent vaccin.

### Dankwoord

Wij danken iedereen die genetische data voor influenzavirus beschikbaar heeft gesteld, zowel uit de virologische laboratoria als de sequencing laboratoria wereldwijd en [GISAID](#) die deze data aanbiedt via de Epiflu database. Wij danken [Nextstrain.org](#) medewerkers, in het bijzonder Richard Neher, voor de fylogenie. Wij danken Nicola Lewis en haar medewerkers van het WHO referentie laboratorium bij het Francis Crick Institute in Londen voor antigene karakterisering van virussen in het GISRS netwerk.

### Colofon

Deze Nieuwsbrief komt tot stand door samenwerking van de volgende instanties en personen:

Nivel, Utrecht  
Dr. Mariëtte Hooiveld  
Drs. Cathrien Kager

Erasmus MC, Rotterdam  
Prof. dr. Marion Koopmans, directeur Nationaal Influenza Centrum  
Prof. dr. Ron Fouchier  
Dr. Mathilde Richard

RIVM, Bilthoven  
Dr. Adam Meijer  
Dr. Dirk Eggink  
Dr. Marit de Lange  
Dr. Anne Teirlinck  
Dr. Daphne Reukers  
Drs. Liz Jenniskens  
Dr. Rianne van Gageldonk-Lafeber

#### Redactiesecretariaat:

Talitha den Butter, Nationaal Influenza Centrum

**Aanmelden voor de Nieuwsbrief:** [nic@erasmusmc.nl](mailto:nic@erasmusmc.nl)

De Nieuwsbrief ook op Internet:

<https://www.erasmusmc.nl/nl-patientenzorg/laboratoriumspecialismen/klinische-virologie>  
<http://www.nivel.nl/griepmonitor>  
<https://www.rivm.nl/griep-grieprik/feiten-en-cijfers>

Virologische weekstaten:

<https://www.rivm.nl/virologische-weekstaten>

Nieuwsbrief  
Influenza-Surveillance  
2022-2023