

Griepepidemie duurt voort

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 6 van 2023 rapporteerden de huisartsen van de Nivel peilstations 3,8 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](#)). Dit is de vierde achtereenvolgende week onder deze IAZ grenswaarde sinds de epidemie in week 50 van 2022 begon. Er werden echter nog altijd veel influenzavirussen gedetecteerd in de peilstations en ziekenhuizen, recent vooral steeds meer influenza B virus in de peilstations. Voor mensen met luchtwegklachten geldt nog steeds het advies om een COVID-19 (zelf)test te doen, wat invloed kan hebben op de gegevens die door de peilstations verzameld worden. Hoewel de IAZ incidentie nu al vier weken onder de drempelwaarde ligt zijn de grote aantallen detecties van influenzavirus een reden om het einde van de epidemie nog niet aan te kondigen.

Influenzavirusdetecties

In week 6 van 2023 werd in de respectievelijk 33 en 23 door peilstationhuisartsen ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of een andere acute respiratoire infectie (ARI) 22 keer (67%) en 8 keer (35%) influenzavirus gevonden. Zie de tabel hieronder voor een uitsplitsing. Sinds week 40 van 2022 is in de 1338 door peilstationhuisartsen ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of ARI 118 keer A(H1N1)pdm09 virus, 59 keer influenza A(H3N2) virus en 143 keer influenza B virus van de Victoria-lijn aangetoond, en 2 influenza A virussen die niet verder gesubtypeerd konden worden (vanwege lage virale load).

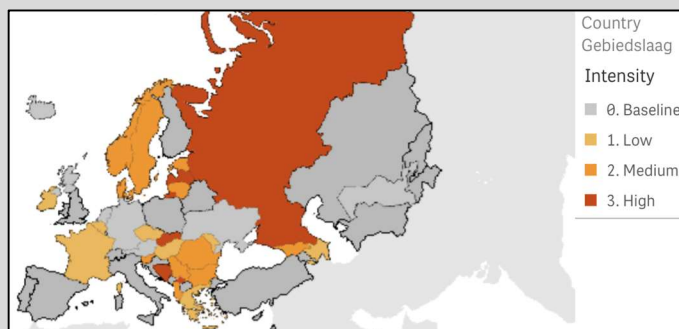
Virus	IAZ (N=33)	Andere ARI (N=23)
Influenza A(H1N1)pdm09 virus	6 (18%)	4 (17%)
Influenza A(H3N2) virus	3 (9%)	0 (0%)
Influenza B virus, Victoria-lijn	13 (39%)	4 (17%)
SARS-CoV-2	5 (15%)	1 (4%)
Humaan seizoens-coronavirus	1 (3%)	2 (9%)
Respiratoir syncytieel virus	1 (3%)	1 (4%)
Humaan metapneumovirus	0 (0%)	0 (0%)
Parainfluenzavirus	0 (0%)	0 (0%)
Rhinovirus	0 (0%)	6 (26%)
Enterovirus	1 (3%)	0 (0%)

Sinds week 40 van 2022 werden in de virologische weekstaten door ziekenhuizen 7119 influenzavirusinfecties gerapporteerd (figuur 5). Het betrof 5194 infecties (73%) met influenza A virus en 1925 (27%) met influenza B virus. Er werden dit seizoen door diverse ziekenhuizen (deels overlappend met de weekstaten) influenzavirus-positieve monsters ingestuurd naar het Nationaal Influenza Centrum voor typering. Sinds week 40 werden via dit circuit 1925 monsters ingestuurd, waarvan 614 (32%) met influenza B virus en 1311 (68%) met influenza A virus. Alle

gekaracteriseerde influenza B virussen waren van de Victoria lijn. Van de verder gesubtypeerde influenza A virussen waren dit 302 A(H1N1)pdm09 virussen en 230 influenza A(H3N2) virussen (figuur 4). Een aantal influenza A virussen (N=779) werd (nog) niet verder gesubtypeerd.

Viruskarakterisatie

Sinds week 40 werden 880 influenzavirussen uit de peilstations, ziekenhuizen en Infectieradar (Bron: [RIVM](#)) door middel van sequencing genetisch gekarakteriseerd en via [GISAID](#) gedeeld. Van de 332 influenza A(H1N1)pdm09 virussen in GISAID behoren er 5 tot clade 6B.1A.5a.1 en 327 tot clade 6B.1A.5a.2 waartoe ook de vaccinstam behoort. Door diversificatie is clade 6B.1A.5a.2 inmiddels in kleinere clades opgedeeld (figuur 6). Alle 271 A(H3N2) virussen vallen in clade 3C.2a1b.2a.2, evenals de vaccinstam. Ook deze virussen zijn genetisch divers en werden recent verder opgedeeld (figuur 7). De 277 influenza B virussen behoren allen tot clade V1A.3a.2 van de Victoria-lijn, net als de vaccinstam (figuur 8). Ieder van de circulerende virussen is dus genetisch zeer divers. Humane post-vaccinatie sera herkennen de clade 6B.1A.5a.2 A(H1N1)pdm09 virussen mogelijk minder goed dan frettersera (Bron: [ECDC](#)). Antisera van fretten die zijn opgewekt tegen de vaccincomponenten voor dit seizoen herkennen de tot zover geanalyseerde Nederlandse virussen daarentegen goed. Ongeveer de helft van de A(H3N2) virussen in Nederland heeft een aminozuur-substitutie op positie 156 van het hemagglutinine die een effect heeft op herkenning door antistoffen. Deze gegevens worden ongetwijfeld besproken wanneer binnenkort de keuze voor de vaccincomponenten voor 2023/2024 gemaakt wordt tijdens de vergadering in Geneve van 20 tot 23 Februari.



De huidige situatie elders

In **Europa** rapporteren inmiddels steeds meer landen basale influenza (IAZ/ARI) activiteit, in lijn met de lage IAZ incidentie in Nederland (zie figuur boven). De resterende activiteit komt geografische wijdverspreid voor (Bron: [ECDC](#)). In zowel de **Verenigde Staten** als in **Canada** is de griepepidemie inmiddels voorbij (Bron: [CDC FluView](#); [Canada Fluwatch](#)).



Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreerde influenza-achtige ziektebeelden (IAZ) per 10.000 inwoners per regio in week 6 van 2023 (bron: Nivel). Door een technisch probleem ontbreken data voor regio noord.

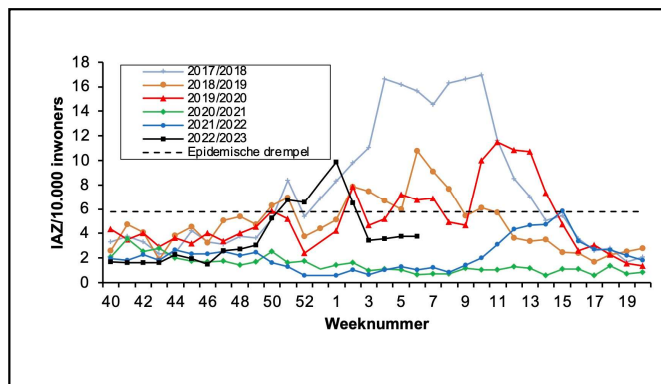


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreerde patiënten met IAZ in 2017-2023 per week en per 10.000 inwoners (bron: Nivel). De stippelijijn geeft de epidemische drempel weer. Er zijn meer historische data getoond dan gebruikelijk om een beter referentiekader te geven.

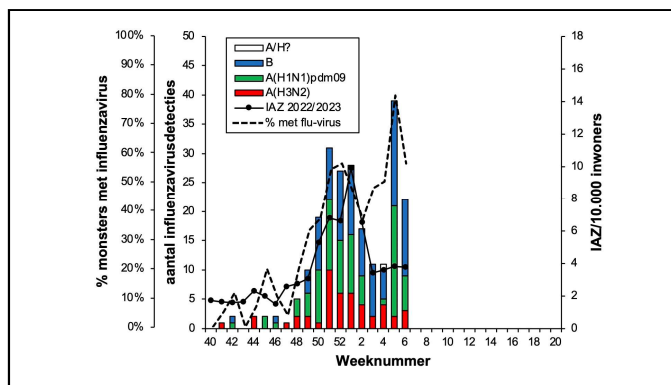


Fig. 3. Aantallen monsters van huisartspatiënten met een IAZ waarin influenzavirus is gedetecteerd en het percentage monsters waarin een influenzavirus werd aangetroffen (y-assen links), en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts) (bron: resp. RIVM en Nivel).

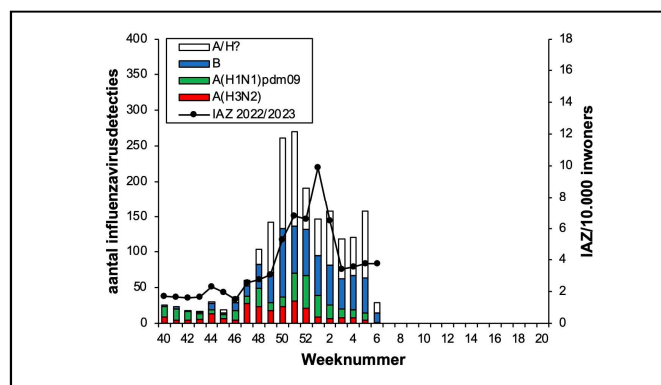


Fig. 4. Aantallen getypeerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria opgestuurde influenzavirus positieve monsters (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). Door het insturen van een selectie van influenzavirus positieve monsters is kwantitatieve interpretatie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

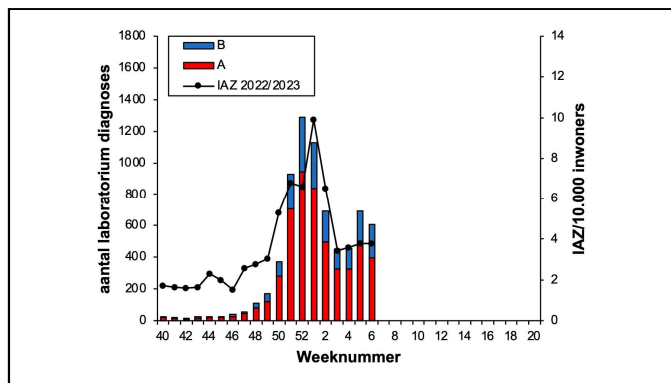


Fig. 5. Aantallen diagnoses van influenzavirus infecties gerapporteerd door de diagnostische laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie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

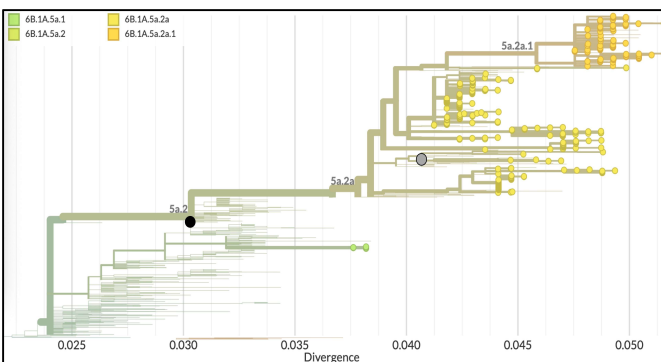


Fig. 6. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H1N1)pdm09 virussen. Stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 van 2022 weer. De zwarte stip is de huidige vaccinastam, de grijze de nieuwe vaccinastam voor het zuidelijk halfrond. Clades zijn in kleuren weergegeven en dunne lijntjes representeren virussen van elders. De Nederlandse virussen van 2022/2023 vallen in Clade 6B.1A.5a.2 (geel-tinten) en 5 in Clade 6B.1A.5a.1 (groene stippen, door overlap niet allen te zien). Bron: [Nextstrain](#), met dank aan [GISAIID](#).

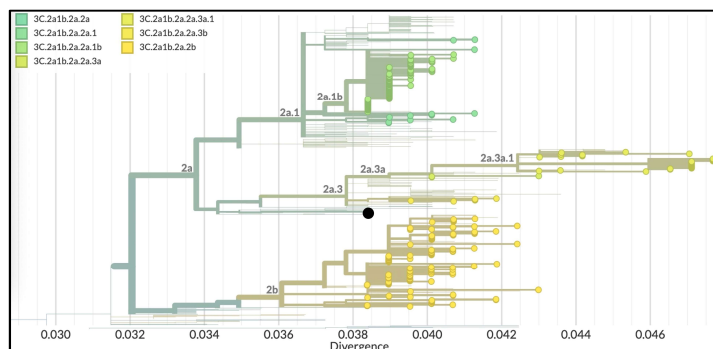


Fig. 7. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 van 2022 weer. De zwarte stip is de huidige vaccinstam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. De Nederlandse A(H3N2) virussen vallen in Clade 3C.2a1b.2a.2, die inmiddels in kleinere clades opgedeeld is. Bron: [Nextstrain](#), met dank aan [GISAID](#).

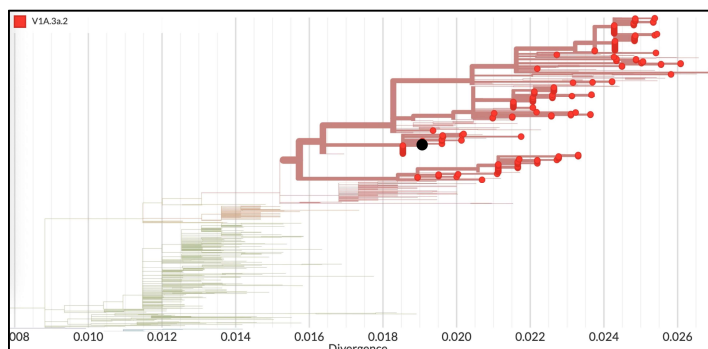


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De rode stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 van 2022 weer en de zwarte stip is de huidige vaccinstam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. De Nederlandse B virussen vallen in clade V1A.3a.2 (rood). 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:

Marjolijn Bechthold - Hoogstad, Nationaal Influenza Centrum

Aanmelden voor de Nieuwsbrief: 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