

De griep epidemie van 2023-2024 is begonnen

Nieuwsbrief influenza surveillance 2023-2024

Epidemiologische influenzasituatie in Nederland

In week 3 van 2024 rapporteerden de huisartsen van de Nivel peilstations 67 patiënten met influenza-achtig ziektebeeld (IAZ) per 100.000 inwoners (figuur 1). In Nederland spreken we van een griep epidemie als in twee opeenvolgende weken de IAZ-activiteit boven de grenswaarde van 56 patiënten per 100.000 inwoners ligt en er bij een substantieel aantal van de patiënten uit diverse bronnen een influenzavirus is gevonden (Bron: [Nivel](#)). Eerder leek de IAZ incidentie in week 2 boven de grenswaarde te zijn, maar de incidentie werd deze week gecorrigeerd naar 55 per 100.000 inwoners. Hoewel de IAZ incidentie dus nog net niet in twee opeenvolgende weken de grenswaarde overschrijft is aannemelijk dat de griep epidemie is begonnen en volgende week wordt bevestigd, omdat de incidentie inmiddels snel oploopt en de aantallen griepvirussen die gedetecteerd worden in alle bronnen zijn opgelopen tot aantallen die we normaliter aan het begin van een griep epidemie zien. Ook het rhinovirus, het respiratoir syncytieel virus (RSV) en seizoenscoronavirussen zorgen nog voor luchtwegklachten. Hoewel er nog steeds mensen met het coronavirus SARS-CoV-2 zijn neemt het aantal mensen met dit virus wel af (zie: [RIVM](#)).

Influenzavirusdetecties

In de monsters afgenomen door peilstationhuisartsen in week 3 van 2024 werd van 43 patiënten met een IAZ 30 keer (69,8%) influenzavirus gevonden. In 33 monsters van patiënten met een andere acute respiratoire infectie (ARI) werd 17 keer (51,5%) influenzavirus gevonden (zie onderstaande tabel en figuur 3). Sinds week 40 is in de 1034 door peilstations ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of andere ARI 89 keer A(H1N1)pdm09 virus, 41 keer influenza A(H3N2) virus en 3 keer influenza B virus van de Victoria-lijn aangetoond.

Virus	IAZ (N=43)	Andere ARI (N=33)
Influenza A(H1N1)pdm09 virus	17 (39.5%)	12 (36.4%)
Influenza A(H3N2) virus	13 (30.2%)	5 (15.2%)
Influenza B virus, Victoria-lijn	0 (0%)	0 (0%)
SARS-CoV-2	3 (7%)	0 (0%)
Seizoens-coronavirus	2 (4.7%)	3 (9.1%)
Respiratoir syncytieel virus	2 (4.7%)	0 (0%)
Humaan metapneumovirus	0 (0%)	0 (0%)
Parainfluenzavirus	0 (0%)	0 (0%)
Rhinovirus	1 (2.3%)	1 (3%)
Enterovirus	0 (0%)	0 (0%)
Adenovirus	1 (2.3%)	0 (0%)

In week 3 van 2024 namen de detecties van influenzavirus in de diagnostische laboratoria sterk toe. Sinds week 40 werden in de virologische weekstaten 2611 infecties met influenzavirus gerapporteerd, waarvan 2580 (99%) met influenza A en 31 (1%) met influenza B virus (figuur 5). In de 752 door ziekenhuizen (deels overlappend met de weekstaten) naar het Nationaal Influenza Centrum ingestuurde monsters werd 742 keer (99%) influenza A en 10 keer (1%) influenza B virus gevonden. Van de 413 verder gesubtypeerde influenza A virussen waren dit 298 (72%) influenza

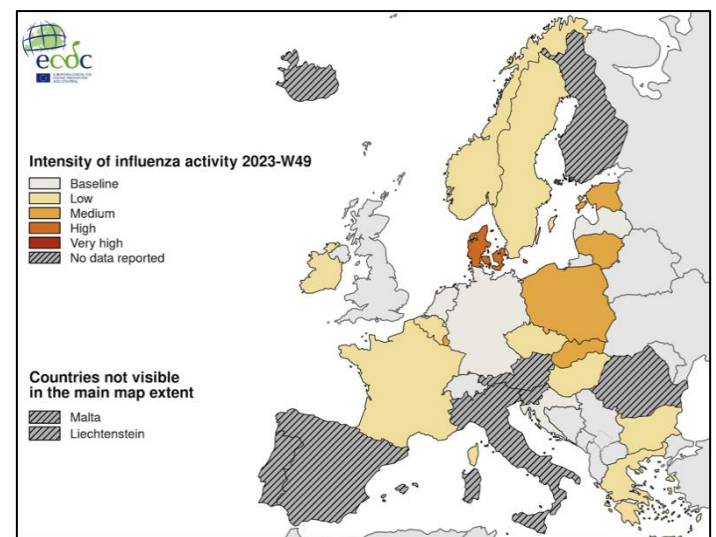
A(H1N1)pdm09 en 115 (28%) A(H3N2) virussen, terwijl er 329 niet verder werden gesubtypeerd (figuur 4). In Infectieradar werden sinds week 40 68 influenzavirussen gevonden, 66 keer influenza A virus (97%) en 2 keer influenza B virus (3%) (figuur 6).

Viruskarakterisering seizoen 2023-2024

Vanaf week 40 werden dit seizoen 389 influenzavirussen uit de peilstations, ziekenhuizen en Infectieradar door middel van sequencing genetisch gekarakteriseerd en via [GISAID](#) gedeeld. Van de Nederlandse influenza A(H1N1)pdm09 virussen behoren er 182 tot clade 5a.2a en 94 tot clade 5a.2a.1 waartoe ook de huidige vaccinstam behoort (figuur 7). Alle 112 A(H3N2) virussen vallen in clade 2a.3a.1 op enige genetische afstand van de vaccinstam (figuur 8). De 10 influenza B virussen met sequentie-data behoren allen tot clade V1A.3a.2 van de Victoria-lijn, net als de vaccinstam (figuur 9). De antigene eigenschappen van een eerste subset van de Nederlandse A(H1N1)pdm09 virussen, A(H3N2) virussen, en influenza B virussen werd in kaart gebracht met frettersera. Antisera opgewekt tegen de vaccin-componenten voor dit seizoen reageerden goed met de tot dusver geteste virussen. Er werden in de Nederlandse virussen geen aminozuurveranderingen waargenomen waarvan bekend is dat ze resistentie veroorzaken tegen neuraminidase- en polymeraseremmers. Ook onder de fenotypisch geteste virussen waren er geen met resistentie tegen neuraminidaseremmers.

De huidige situatie elders

De ons omringende landen melden in week 2 lage influenza activiteit (zie figuur onder). Elders in Europa neemt zowel de intensiteit als de verspreiding in verschillende landen wel toe (Bron: [WHO en ECDC](#)). In de Verenigde Staten en Canada is de influenza intensiteit iets afgenomen in vergelijking met eerdere weken. Influenza A(H1N1)pdm09 virussen zijn dominant, A(H3N2) virussen en influenza B virussen worden minder gedetecteerd (Bron: [CDC FluView](#), [Canada FluWatch](#)).



Grafieken Nivel, EMC en RIVM

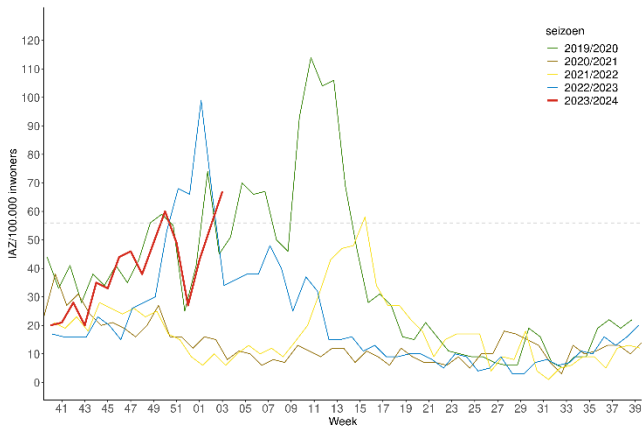


Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen gerapporteerd patiënten met IAZ in 2019-2024 per week en per 100.000 inwoners. De stippellijn geeft de drempel voor verhoogde activiteit weer (bron: Nivel).

Grafieken Nivel, EMC en RIVM

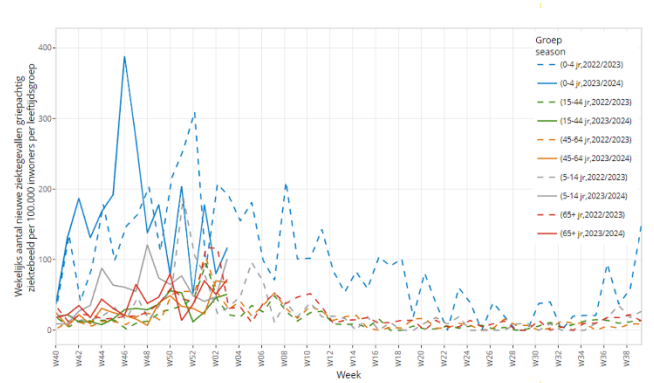


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ in 2023/2024 en 2022/2023 per week en per 100.000 inwoners, weergegeven per leeftijdsgroep (bron: Nivel).

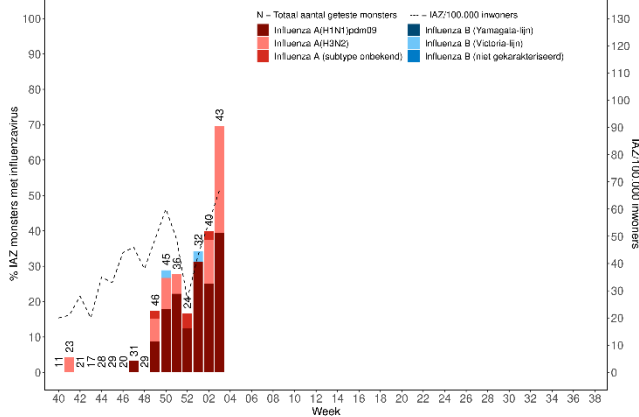


Fig. 3. Percentage monsters van huisartspatiënten met een IAZ waarin influenzavirus werd aangetroffen (y-as links), met het totaal aantal geteste monsters numeriek weergegeven per week. De incidentie van IAZ per week en per 100.000 inwoners is weergegeven als stippellijn (y-as rechts) (bron: RIVM en Nivel).

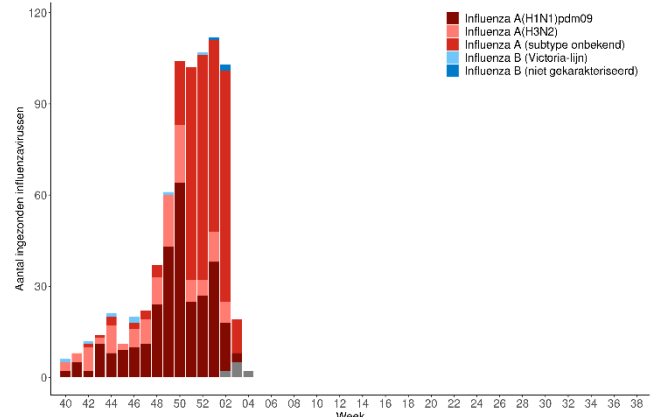


Fig. 4. Aantallen getypeerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria opgestuurde influenzavirus positieve monsters. Door het insturen van een selectie van influenzavirus positieve monsters is kwantitatieve interpretatie niet mogelijk en lopen typeringen enigszins achter (bron: EMC, RIVM).

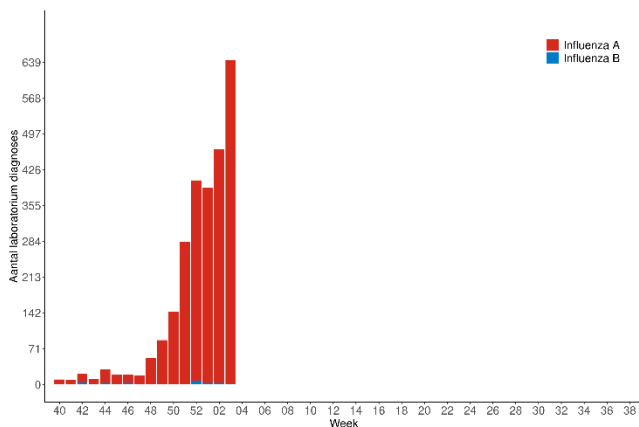


Fig. 5. Aantallen diagnoses van influenzavirusinfecties gerapporteerd door de diagnostische laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten. De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie nog niet alle laboratoria hun data hebben gerapporteerd (bron: virologische weekstaten).

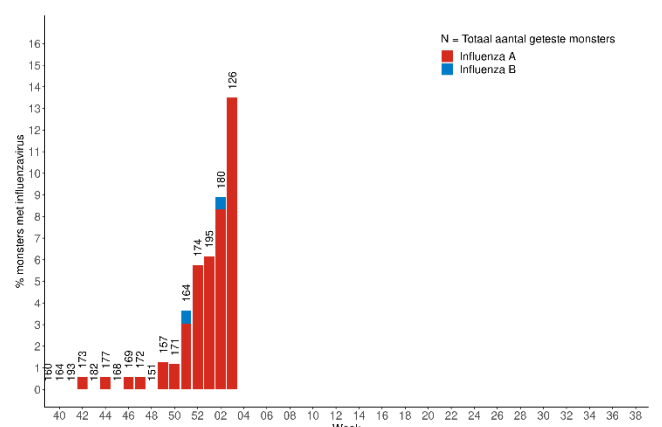


Fig. 6. Percentage monsters, afgenomen bij deelnemers aan de Infectieradar met klachten passend bij een acute luchtweginfectie, waarin influenzavirus werd aangetroffen. Het totaal aantal geteste monsters is numeriek weergegeven per week (bron: Infectieradar RIVM).

Stambomen

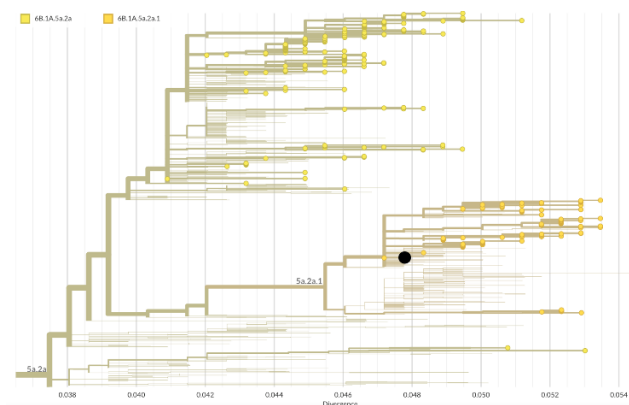


Fig. 7. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H1N1)pdm09 virussen. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De zwarte stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse A(H1N1)pdm09 virussen van 2023/2024 vallen in Clade 5a.2a en 5a.2a.1. Bron: Nextstrain, met dank aan GISAID.

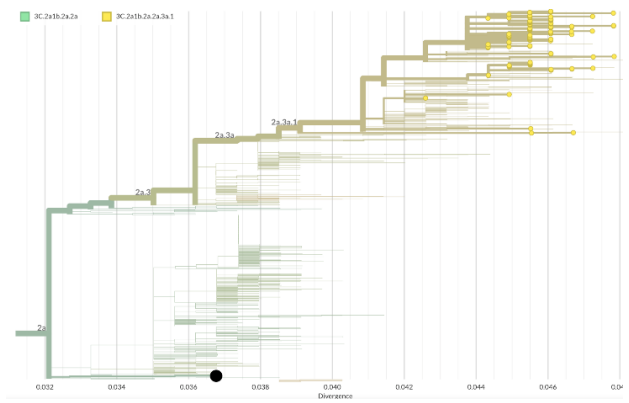


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De zwarte stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse A(H3N2) virussen vallen in Clade 2a.3a.1. Bron: Nextstrain, met dank aan GISAID.



Fig. 9. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De zwarte stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse B virussen vallen in clade V1A.3a.2. Bron: Nextstrain, met dank aan GISAID.

Samenstelling van het influenzavaccin voor 2023/2024

- A/Victoria/4897/2022-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.

Colofon

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

Nivel, Utrecht ([Link naar informatie over griep van Nivel](#))

Dr. Mariëtte Hooiveld
Drs. Christos Baliatsas

Erasmus MC, Rotterdam

Prof. dr. Marion Koopmans, directeur Nationaal Influenza Centrum
Prof. dr. Ron Fouchier
Dr. Björn Koel

RIVM, Bilthoven ([Link naar informatie over griep van RIVM](#))

Dr. Adam Meijer
Dr. Dirk Eggink
Dr. Marit de Lange
Dr. Anne Teirlinck
Dr. Femke Jongenotter
Drs. Liz Jenniskens
Dr. Rianne van Gageldonk-Lafeber

Redactiesecretariaat:

Maria Silva, Nationaal Influenza Centrum
Marjolijn Bechthold-Hoogstad, Nationaal Influenza Centrum
Aanmelden voor de Nieuwsbrief: nic@erasmusmc.nl

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. Wij danken de Nederlandse Werkgroep voor Klinische Virologie en de betrokken laboratoria voor het beschikbaar stellen van influenzavirus detectie data uit de virologische weekstaten. Wij danken huisartsen en patiënten van de peilstations en het team van Nivel Zorgregistraties Eerste Lijn voor hun bijdrage aan de respiratoire surveillance.

De Nieuwsbrief ook op Internet:

<https://www.erasmusmc.nl/nl-nl/link-pages/influenza-surveillance-nieuwsbrief>