

Patiënten met influenza-achtig ziektebeeld weer boven epidemische grens

Nieuwsbrief
Influenza-
Surveillance
2019-2020

Een uitgave van: Nationaal Influenza Centrum (NIC): Rotterdam (Erasmus MC), Bilthoven (RIVM); Nederlands instituut voor onderzoek van de gezondheidszorg (Nivel)

Epidemiologische influenzasituatie in Nederland

In week 11 van 2020 rapporteerden de Nivel peilstations 11,5 patiënten met influenza-achtig ziektebeeld (IAZ) per 10.000 inwoners (figuren 1 en 2). In week 10 lag dit aantal op 10,0 per 10.000 inwoners. Daarmee ligt in twee opeenvolgende weken de IAZ incidentie weer boven de epidemische grens en spreken we dus formeel van een epidemie, nadat in weken 8 en 9 de epidemische grens niet werd gehaald. De aantallen patiënten met IAZ zijn verhoogd in alle leeftijdscategorieën (figuur 5) maar de stijging was relatief groot in de groep mensen van 65 jaar en ouder en in het noorden van het land. Het is waarschijnlijk dat de stijging van IAZ, inclusief de stijging onder ouderen, deels veroorzaakt wordt door angst voor het coronavirus, waardoor meer patiënten dan gebruikelijk zich melden bij de huisarts.

Influenzavirusdetecties

In week 11 van 2020 werd in de 60 door Nivel-peilstation-huisartsen afgenomen monsters van patiënten met een IAZ in 25% een influenzavirus gevonden: 6 keer (10%) een A(H1N1)pdm09 influenzavirus, 5 keer (8%) een A(H3N2) influenzavirus, 2 keer (3%) een type A influenzavirus van nog onbekend subtype en 2 keer (3%) een influenzavirus type B van de Victoria-lijn (figuur 3). Daarnaast werd ook 6 maal een SARS-CoV-2 gevonden, 1 maal respiratoir syncytieel virus (RSV) en 6 maal rhinovirus. Ook in 47 patiënten met acute luchtweginfecties die in week 11 bemonsterd werden en die niet voldoen aan de IAZ definitie werd 1 keer een A(H1N1)pdm09 influenzavirus gevonden, 2 keer A(H3N2) influenzavirus, 3 keer SARS-CoV-2, 1 keer RSV en 7 keer rhinovirus. In alle in dit seizoen sinds week 40/2019 door de peilstations afgenomen influenzavirus-positieve monsters van IAZ-patiënten werd 84 keer (42%) een A(H1N1)pdm09 virus aangetroffen, 98 keer (49%) een A(H3N2) virus, 5 keer (2%) een type A virus (subtype onbekend), 14 keer (7%) een influenza B virus van de Victoria-lijn en 1 keer (0,5%) een influenza B virus van de Yamagata-lijn.

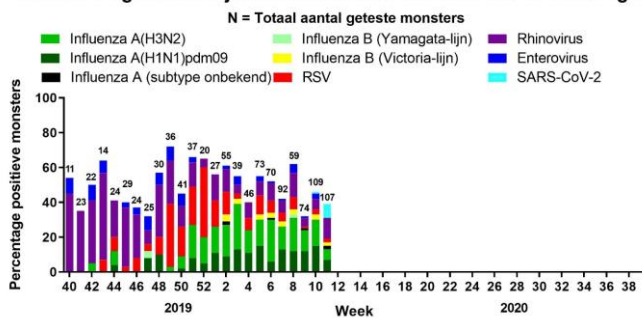
Van de 617 door diagnostische ziekenhuislaboratoria bij het NIC aangemelde influenzavirussen sinds week 40 waren er 607 (98%) van het A-type en 10 (2%) van het B-type (figuur 4). Van de 247 influenza A virussen waarvoor een ruime hoeveelheid virus werd ingestuurd behoorden er 147 (60%) tot het subtype A(H3N2) en 100 (40%) tot het subtype A(H1N1)pdm09. Van de influenza B virus positieve monsters werden er slechts 4 getypeerd, allen van de Victoria-lijn. De 46 monsters die vanuit St. Maarten werden ingestuurd betrof influenzavirus type A, waarvan de verder getypeerde monsters allen tot het A(H1N1)pdm09 subtype behoorden.

De diagnostische ziekenhuislaboratoria rapporteerden in de virologische weekstaten dit seizoen hoofdzakelijk type A in de influenzavirus-positieve monsters (figuur 6).

De situatie elders

In **Europa** is de influenza-activiteit in de afgelopen weken fors afgenomen en lijkt de griep in de meeste landen over de piek heen te zijn. In de **Verenigde Staten** neemt de activiteit nu voor de vierde opeenvolgende week af en ook in **Canada** is de epidemie op zijn retour. Alle landen op het noordelijk halfrond rapporteerden voor het merendeel influenza A virus infecties. (Bronnen: [ECDC Flu News Europe](#), [CDC FluView](#), [Canada Fluwatch](#), [WHO](#)).

Monsters afgenomen bij mensen met acute klachten aan de luchtwegen



COVID-19 en SARS-CoV-2

In december 2019 werd in Wuhan, de hoofdstad van de provincie Hubei in China, een nieuw coronavirus ontdekt, inmiddels SARS-CoV-2 genaamd omdat het nauw verwant is aan het Severe Acute Respiratory Syndrome coronavirus (SARS-CoV) dat in 2003 vanuit China voor problemen zorgde. SARS-CoV-2 kan "2019 coronavirus disease" (COVID-19) veroorzaken dat gepaard gaat met koorts en luchtwegklachten. Wereldwijd worden er maatregelen genomen om de verspreiding van het virus af te remmen en zo de piek drukte in ziekenhuizen te beperken. In Nederland werd SARS-CoV-2 tot en met 18 maart gedetecteerd in 2051 personen, en zijn er in totaal 58 personen aan COVID-19 overleden (Bron: [RIVM](#)). Wereldwijd werden meer dan 200.000 infecties geregistreerd en bijna 9000 sterfgevallen (Bron: [Johns Hopkins](#)). Sinds 4 februari is SARS-CoV-2 detectie toegevoegd aan de surveillance bij peilstation-huisartsen. De laatste twee weken werden infecties met SARS-CoV-2 daar voor het eerst waargenomen. In week 10 betrof het 1 patiënt met een acute luchtweginfectie (geen IAZ) en in week 11 betrof het 6 patiënten met een IAZ en 3 patiënten met een acute luchtweginfectie (geen IAZ). In week 11 werd SARS-CoV-2 dus waargenomen in 9 van de 107 monsters (8%) die werden afgenomen in de peilstations van patiënten met een luchtweginfectie, een toename ten opzichte van het ene positieve monster van de 102 die een week eerder werden afgenomen en getest (zie figuur boven). De meesten van deze patiënten wonen in het gebied in Nederland waar COVID-19 op het moment het meeste voorkomt.

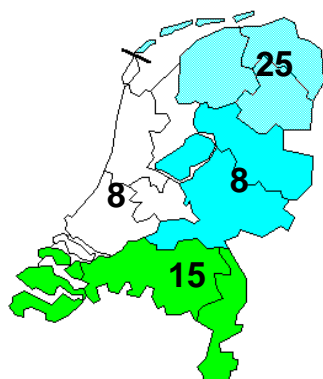


Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreeerde influenza-achtige ziektebeelden (IAZ) per 10.000 inwoners per regio in week 11 van 2020 (bron: Nivel).

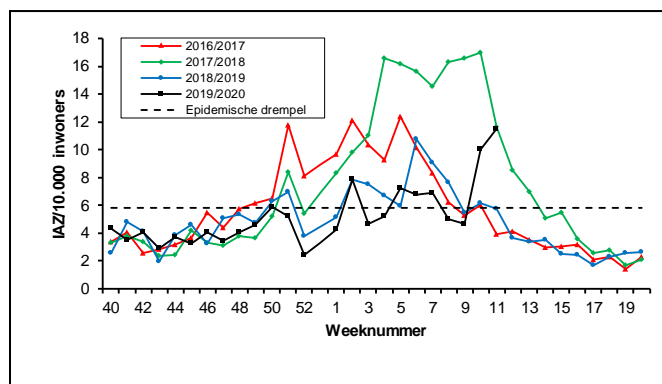


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreeerde patiënten met IAZ in 2016-2020 per week en per 10.000 inwoners (bron: Nivel). De stippellijn geeft de epidemische drempel weer.

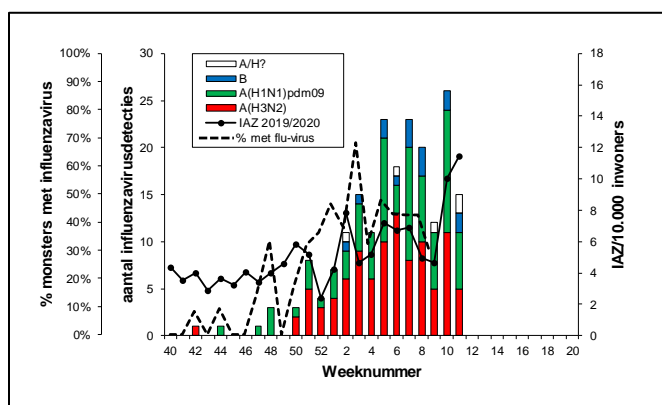


Fig. 3. Aantallen monsters van huisartspatiënten met een IAZ waarin influenzavirus is gedetecteerd en het percentage monsters waarin een influenzavirus werd aangetroffen (y-assen links), en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts) (bron: resp. RIVM en Nivel).

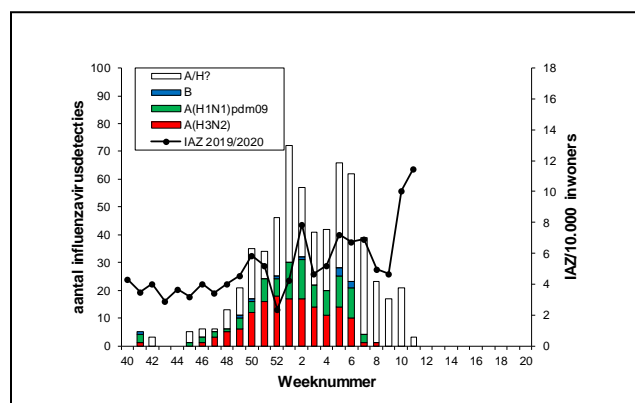


Fig. 4. Aantallen door Erasmus MC gedetecteerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria naar Erasmus MC opgestuurde monsters (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts) (bron: resp. EMC en Nivel). Door COVID-19 loopt virus-karakterisering achter.

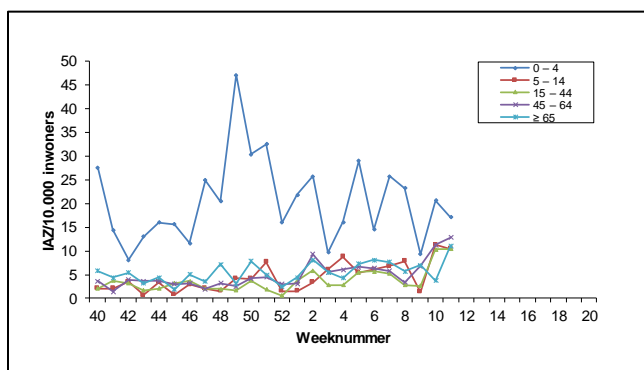


Fig. 5. Leeftijdsverdeling van door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ per week en per 10.000 inwoners (bron: Nivel).

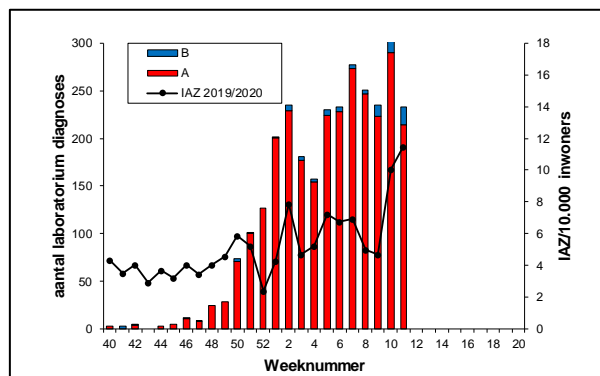


Fig. 6. Aantallen diagnoses van influenzavirus infecties gerapporteerd door de diagnostische laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie nog niet alle laboratoria hun data hebben gerapporteerd (bron: resp. virologische weekstaten en Nivel).

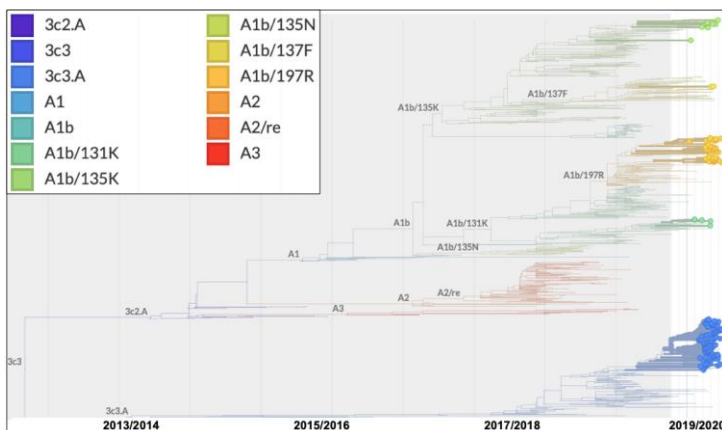


Fig. 7. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen uit Nederland en een kleine subset virussen van elders. De balletjes aan de rechterkant geven Nederlandse virussen van de laatste 6 maanden weer, de rest van de boom (links) gaat ongeveer 7 jaar terug in de tijd. Clades zijn weergegeven in kleuren (Bron: [Nextstrain](#), met dank aan Richard Neher en [GISAID](#)). Door COVID-19 is sequencing niet up-to-date.

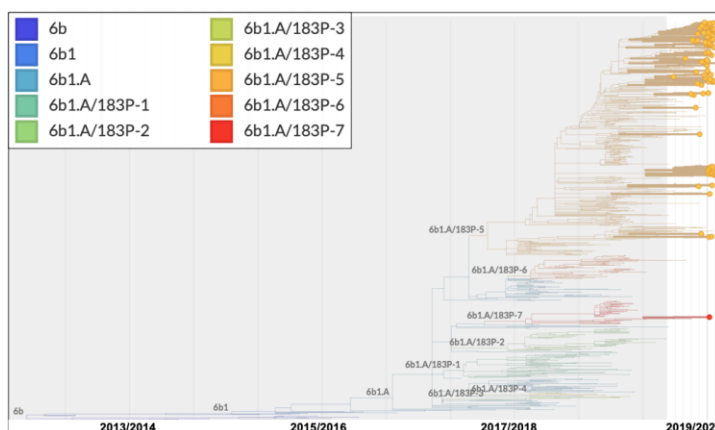


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H1N1)pdm09 virussen uit Nederland en een kleine subset virussen van elders. De balletjes aan de rechterkant geven Nederlandse virussen van de laatste 6 maanden weer, de rest van de boom (links) gaat ongeveer 7 jaar terug in de tijd. Clades zijn weergegeven in kleuren (Bron: [Nextstrain](#), met dank aan Richard Neher en [GISAID](#)). Door COVID-19 is sequencing niet up-to-date.

Samenstelling van het influenzavaccin voor het seizoen 2020/2021

- A/Guangdong-Maonan/SWL1536/2019-achtig H1N1pdm09 virus;
- A/Hong Kong/2671/2019-achtig H3N2 virus;
- B/Washington/02/2019-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, alsmede [GISAID](#) die deze data aanbiedt via de Epiflu database. Wij danken [Nextstrain.org](#) medewerkers, in het bijzonder Richard Neher, voor de fylogenie.

Colofon

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

Nivel, Utrecht
Dr. Janneke Hendriksen
Dr. Mariëtte Hooiveld

Nationaal Influenza Centrum
Prof. dr. Marion Koopmans, directeur

Erasmus MC, Rotterdam
Prof. dr. Ron Fouchier

RIVM, Bilthoven
Dr. Adam Meijer
Drs. Marit de Lange
Dr. Anne Teirlinck

Redactiesecretariaat:
Maria Silva
Nationaal Influenza Centrum

Aanmelden voor de Nieuwsbrief: nic@erasmusmc.nl

De Nieuwsbrief ook op Internet:
<https://www.erasmusmc.nl/nl-nl/patientenzorg/laboratoriumspecialismen/klinische-virologie>
<http://www.nivel.nl/griepmonitor>
https://www.rivm.nl/Onderwerpen/G/Griep/Surveillance/Stand_van_zaken_griep

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

Nieuwsbrief
Influenza-Surveillance
2019-2020