

# Sporadische detecties van 3 virus (sub)typen

Nieuwsbrief  
Influenza-  
Surveillance  
2021-2022

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 1 van 2022 rapporteerden de Nivel peilstations 0,6 patiënten met influenza-achtig ziektebeeld (IAZ) per 10.000 inwoners. In Nederland spreken we van een griepiepidemie als in twee achtereenvolgende 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 (figuur 1, 2) (Bron: [Nivel](#)). Omdat veel mensen met luchtwegklachten zich momenteel in eerste instantie melden bij GGD COVID-19 teststraten is het niet zeker dat dit jaar via de Nivel peilstationhuisartsen de start van de griepiepidemie gemeten kan worden zoals in andere jaren. Het is daarom belangrijk om ook te kijken naar andere indicatoren, zoals het aantal virusdetecties in ziekenhuizen (zie onder). Hieruit blijkt dat van een griepiepidemie nog geen sprake is.

## Influenzavirusdetecties

In week 1 van 2022 werd in de 4 door peilstationhuisartsen ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ geen influenzavirus gevonden (figuur 3). Wel werd 1 keer rhinovirus en 1 keer humaan seizoens-coronavirus (hCoV) gedetecteerd. In 6 monsters van patiënten met een andere acute respiratoire infectie (ARI), ingestuurd door peilstation-huisartsen, werd ook geen influenzavirus gevonden, maar wel 1 keer SARS-CoV-2 en 2 keer hCoV. Sinds week 30/2021 is in de 345 door peilstation-huisartsen ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of ARI 3 keer influenza A(H3N2) virus en 1 keer influenza B virus van de Victoria-lijn aangetoond.

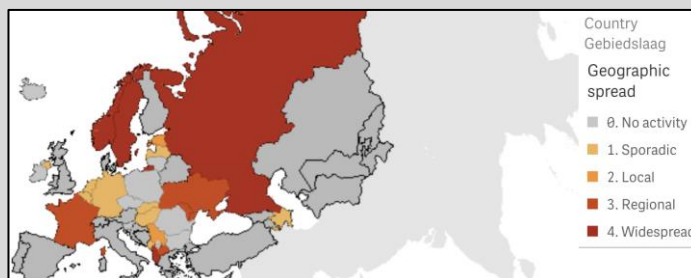
Sinds week 30 werden in de virologische weekstaten door ziekenhuizen 231 influenzavirusinfecties gerapporteerd (figuur 5). Deze aantallen zijn vergelijkbaar met periodes buiten de griepiepidemie in voorgaande jaren (Bron: [RIVM](#)). Het betrof 217 infecties met influenza A(H3N2) en 14 met influenza B virus. Er worden dit seizoen door diverse Nederlandse ziekenhuizen (gedeeltelijk overlappend met de weekstaten) influenzavirus-positieve monsters ingestuurd naar het Nationaal Influenza Centrum om ook tijdens de COVID-19 pandemie zicht te houden op de circulerende virussen. Via dit circuit werden sinds week 30 267 influenza A(H3N2) virussen, 13 A(H1N1)pdm09 virussen, 43 (nog) niet verder gekarakteriseerde influenza A virussen en 7 influenza B virussen ingestuurd (figuur 4). Van de 13 A(H1N1)pdm09 virussen werden er 12 in de laatste 4 weken ingestuurd, een andere verdeling dus dan in voorgaande weken.

## Viruskarakteristieken

Van de A(H3N2) virussen die dit seizoen genetisch werden gekarakteriseerd behoren er 194 tot clade 3C.2a1b.2a.2 en 2 tot clade 3C.2a1b.1a (figuur 6). De 3C.2a1b.1a monsters werden afgenomen in week 50 en 51 van 2021. De A(H3N2) component in het vaccin voor dit seizoen behoort tot clade 3C.2a1b.2a.1. Antisera opgewekt tegen dit vaccin neutraliseren de 3C.2a1b.2a.2 virussen niet goed in de hemagglutinatie-

remmingstest en focus-reductie test. Andersom herkent een antiserum tegen A/Nederland/7/2021 de geteste Nederlandse isolaten prima maar het vaccinvirus niet. Er is dus geen optimale match tussen het vaccin en de in Nederland circulerende A(H3N2) virussen. De 6 A(H1N1)pdm09 virussen behoren allen tot clade 6B.1A.5a.1 (figuur 7). Frettersera tegen de vaccinstam A/Victoria/2570/2019 reageren volgens het WHO referentielab in Londen suboptimaal met virussen van clade 6B.1A.5a.1 (Bron: [WHO](#)). Het enige gekarakteriseerde influenza B virus uit Nederland behoort tot de Victoria-lijn, clade V1A.3a2. De vaccincomponent voor 2021/2022 is een B/Washington/2/2019-achtig virus van clade V1A.3 (figuur 8). Het Nederlandse virusisolaat reageert niet goed met antisera tegen het vaccin. Voor de B-Victoria vaccincomponent is dus mogelijk ook geen optimale match te verwachten dit seizoen.

Op basis van de genetische data en laboratorium onderzoek met frettersera kunnen we stellen dat het 2021/2022 vaccin niet optimaal aansluit op de in Nederland gevonden virussen. De vaccin updates die voor 2022 voor het zuidelijk halfrond zijn gekozen voor A(H3N2) en de influenza B-Victoria component zouden voor de huidige Nederlandse virussen beter aansluiten. Voor het A(H1N1)pdm09 virus is (nog) geen update gemaakt omdat er door COVID-19 weinig data zijn maar misschien kunnen de Nederlandse virussen hieraan een bijdrage leveren. Hoe de mismatches met frettersera zich gaan vertalen naar de effectiviteit van het vaccin in Nederland is nog niet duidelijk.



## De situatie elders

In **Europa** nam de influenza-activiteit in de afgelopen weken opnieuw iets toe, maar nog steeds niet als in normale jaren. Hoewel de geografische spreiding van infecties toeneemt (zie figuur hierboven, Bron: [ECDC](#)) is de intensiteit nog altijd laag, ook in landen als Zweden en Frankrijk, ondanks een hoge frequentie van testen. Ook in **Canada** en de **Verenigde Staten** (VS) was de activiteit nog laag maar zeker in de VS wel toenemend (Bron: [CDC FluView](#), [Canada Fluwatch](#)). In het westelijk deel van de wereld zijn A(H3N2) virussen dominant met enkele detecties van influenza B virussen van de Victoria-lijn. De recente toename in detecties van A(H1N1)pdm09 virussen in Nederland is opmerkelijk. Het lijkt erop dat influenza B virussen van de Yamagata-lijn aan het verdwijnen zijn (Bron: [WHO](#)).

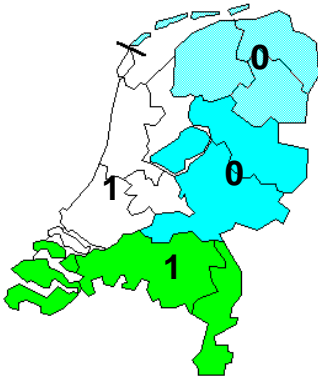


Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreeerde influenza-achtige ziektebeelden (IAZ) per 10.000 inwoners per regio in week 1 van 2022 (bron: Nivel). updaten

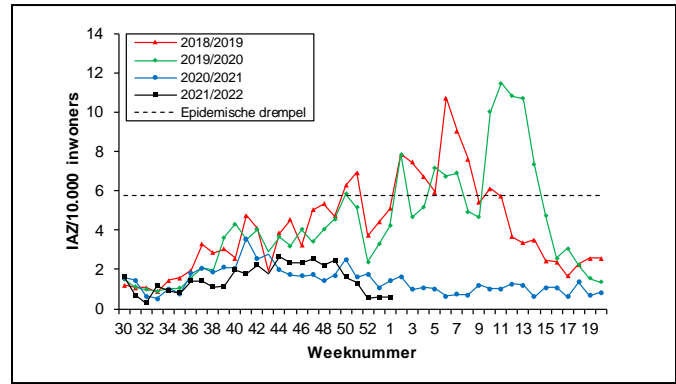


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreeerde patiënten met IAZ in 2018-2022 per week en per 10.000 inwoners (bron: Nivel). De stippelijijn geeft de epidemische drempel weer.

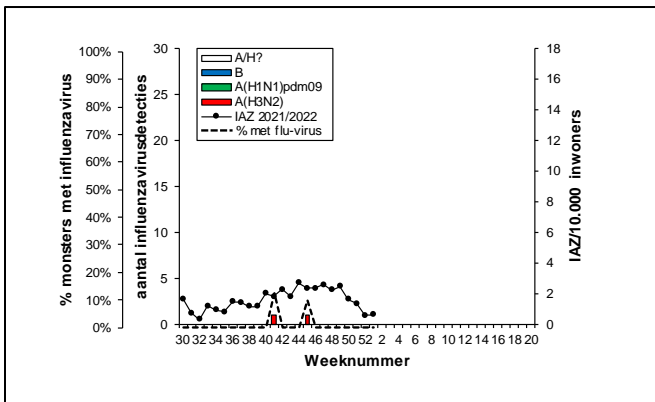


Fig. 3. Aantallen monsters van huisartspatiënten met een IAZ waarin influenza virus is gedetecteerd en het percentage monsters waarin een influenza virus werd aangetroffen (y-assen links), en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts) (bron: resp. RIVM en Nivel).

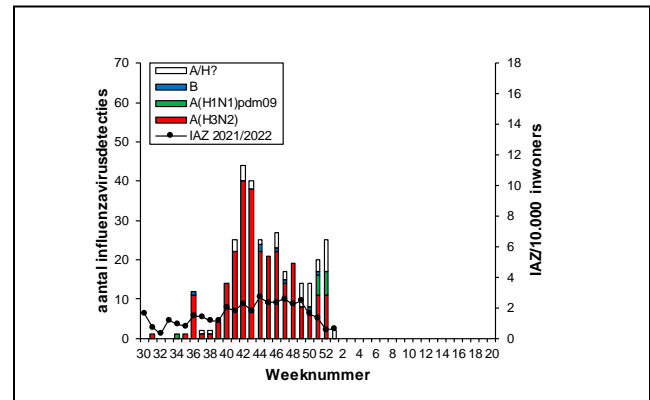


Fig. 4. Aantallen door Erasmus MC en RIVM gedetecteerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria naar Erasmus MC of RIVM opgestuurde monsters (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts) (bron: resp. EMC/RIVM en Nivel).

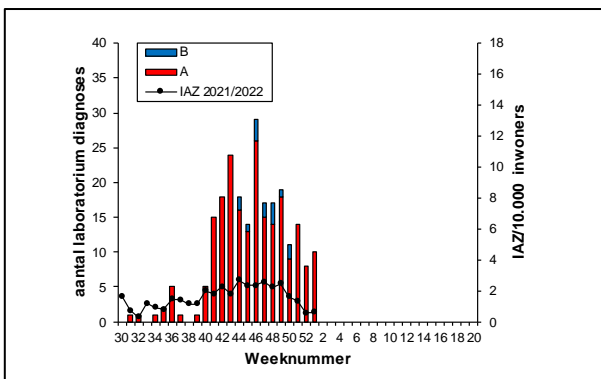


Fig. 5. Aantallen diagnoses van influenzavirus infecties gerapporteerd door de diagnostische laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie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

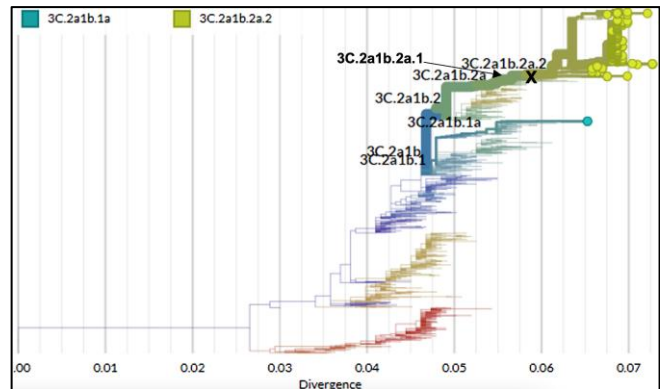


Fig. 6. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De balletjes geven recente Nederlandse virussen weer en clades zijn weergegeven in kleuren. Het kruis geeft de vaccinstam aan. Alle Nederlandse A(H3N2) virussen van 2021/2022 vallen in Clade 3C.2a1b.2a.2 (groen) en 3C.2a1b.1a (blauw). Bron: [Nextstrain](#), met dank aan [GISAID](#).

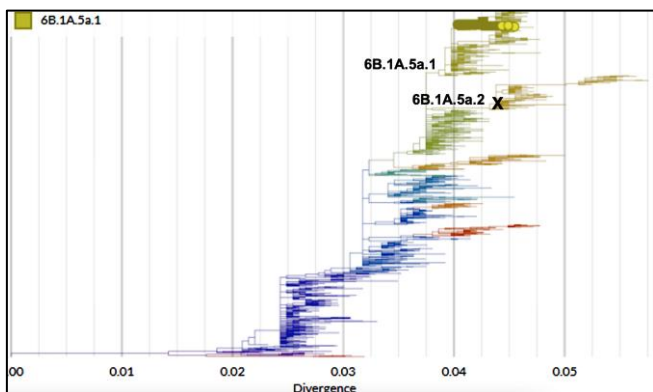


Fig. 7. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H1N1)pdm09 virussen. De balletjes geven recente Nederlandse virussen weer. Clades zijn weergegeven in kleuren en het kruis geeft de vaccinstam aan. De Nederlandse A(H1N1)pdm09 virussen vallen in Clade 6B.1A.5a.1 (bovenaan). De huidige vaccinstam behoort tot Clade 6B.1A.5a.2. Bron: [Nextstrain](#), met dank aan [GISAID](#).

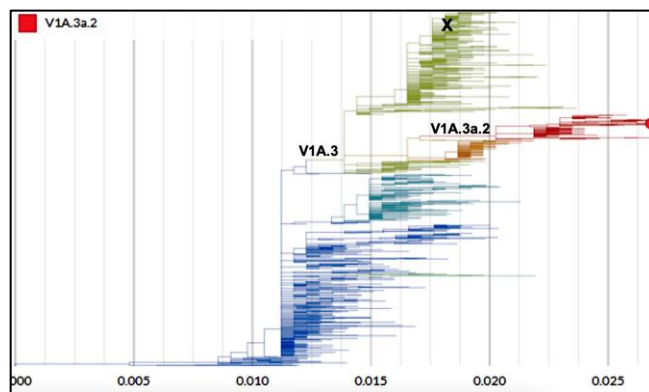


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De balletjes geven recente Nederlandse virussen weer. Clades zijn weergegeven in kleuren en het kruis geeft de vaccinstam aan. Het Nederlandse 2021/2022 virus valt in clade V1A.3a.2. De huidige vaccinstam voor het noordelijk halfrond valt in de groene clade erboven (V1A.3). Bron: [Nextstrain](#), met dank aan [GISAID](#).

**Samenstelling van het influenzavaccin voor het seizoen 2021/2022**

- A/Victoria/2570/2019-achtig H1N1pdm09 virus;
- A/Cambodia/e0826360/2020-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.

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

**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  
 Dr. Marit de Lange  
 Dr. Anne Teirlinck

*Redactiesecretariaat:*  
 Maria Silva  
 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/Onderwerpen/G/Griep/Surveillance/Stand\\_van\\_zaken\\_griep](https://www.rivm.nl/Onderwerpen/G/Griep/Surveillance/Stand_van_zaken_griep)

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

**Nieuwsbrief  
 Influenza-Surveillance  
 2021-2022**