

Sporadische detecties van influenzavirus

Nieuwsbrief
Influenza-
Surveillance
2022-2023

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

Epidemiologische influenzasituatie in Nederland

In week 43 van 2022 rapporteerden de huisartsen van de Nivel peilstations 1,6 patiënten met influenza-achtig ziektebeeld (IAZ) per 10.000 inwoners, vergelijkbaar met de afgelopen weken (figuur 1, 2). In Nederland spreken we van een epidemie 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 (Bron: [Nivel](#)). Omdat veel mensen met luchtwegklachten nog steeds een zelftest doen en/of zich melden bij GGD COVID-19 teststraten is het onzeker of deze definitie weer gehanteerd kan worden zoals voor de COVID-19 pandemie, of dat we net als vorig seizoen vooral naar de virusdetecties kijken. Hoe dan ook is er op dit moment nog geen sprake van een griep epidemie.

Influenzavirusdetecties

In week 43 van 2022 werd in de 10 door peilstationhuisartsen ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ geen influenzavirus gevonden (figuur 3). Wel werd 2 keer rhinovirus, 1 keer SARS-CoV-2, 1 keer parainfluenzavirus (PIV), 1 keer respiratoir syncytieel virus (RSV) en 1 keer humaan metapneumovirus (HMPV) aangetroffen. In 27 monsters van patiënten met een andere acute respiratoire infectie (ARI) werd ook geen influenzavirus gevonden. Wel werd 2 keer SARS-CoV-2, 8 keer rhinovirus, 3 keer PIV en 3 keer HMPV aangetroffen. Sinds week 40/2022 is in de 201 door peilstationhuisartsen ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of ARI 2 keer A(H1N1)pdm09 virus, 1 keer influenza A(H3N2) virus en 1 keer influenza B virus van de Victoria-lijn aangetoond.

Sinds week 40 van 2022 werden in de virologische weekstaten door ziekenhuizen 78 influenzavirusinfecties gerapporteerd. Het betrof 58 infecties (74%) met influenza A virus en 20 (26%) met influenza B virus (figuur 5). 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 25 A(H1N1)pdm09 virussen, 16 influenza A(H3N2) virussen en 8 influenza B virussen ingestuurd (figuur 4). Een aantal influenza A virussen (N=17) werd (nog) niet verder gekarakteriseerd.

Viruskarakterisatie

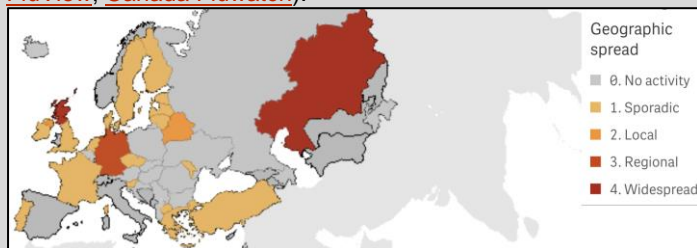
Sinds week 40 werden 105 influenzavirussen uit de peilstations en ziekenhuizen door middel van sequencing genetisch gekarakteriseerd. De Nederlandse influenza A(H1N1)pdm09 virussen behoren op 1 na allemaal tot clade 6B.1A.5a.2, waartoe ook de vaccinstam behoort (figuur 6, gele stippen). Alle A(H3N2) virussen vallen in clade 3C.2a1b.2a.2, evenals de vaccinstam (figuur 7, groene stippen). De influenza B virussen behoren allen tot clade V1A.3a.2 van de Victoria-lijn, net als de

vaccinstam (figuur 8, rode stippen). In hoeverre de waargenomen genetische diversiteit bijdraagt aan mogelijke antigene verschillen ten opzichte van het vaccin voor dit seizoen wordt momenteel onderzocht.

De huidige situatie elders

Slechts enkele landen in **Europa** rapporteren wijdverspreide influenza activiteit (Schotland en Kazachstan, zie de figuur hieronder) hoewel de percentages positieve patiënten bij huisartsen in sommige andere landen, waaronder bij onze oosterburen, inmiddels oplopen tot boven de 10%. Er is nog geen duidelijk beeld welk influenzavirus (sub)type zal gaan domineren in Europa (Bron: [ECDC](#)).

In de **Verenigde Staten** werd een vroege toename in influenza activiteit gemeld, hoofdzakelijk veroorzaakt door A(H3N2) virussen. Een dergelijke vroege verhoging werd sinds het seizoen 2010-2011 niet meer gezien. Ook op het zuidelijk halfrond begon het influenzaseizoen in diverse landen wat vroeger dan gebruikelijk. Antigene karakterisatie van de in de Verenigde Staten circulerende virussen liet tot dusver een goede match zien ten opzichte van alle componenten in het vaccin voor dit jaar. In **Canada** blijft de influenza activiteit voorslags laag. Ook hier domineren de A(H3N2) virussen tot dusver (Bron: [CDC FluView](#); [Canada Fluwatch](#)).



Vogelgriep en varkensgriep

Waar de influenza-activiteit in mensen in Nederland nog laag is, is dat niet het geval in wilde vogels en pluimvee. Hoog pathogene aviaire influenza (HPAI) virussen van het H5N1 subtype circuleren inmiddels vrijwel jaarrond in wilde vogels, met herhaaldelijk overdracht naar pluimvee en diverse besmettingen van wilde zoogdieren zoals vos en bunzing. Hoewel de situatie zorgelijk is voor wilde en gehouden dieren wordt het risico voor mensen in het algemeen gelukkig als laag ingeschat en voor mensen die beroepsmatig met besmette dieren in contact komen als laag-medium (Bron: [EFSA](#)). Door het RIVM werd in oktober wel een patiënt met A(H1N2)v varkensinfluenzavirus gedetecteerd. Uit brononderzoek bleek dat de persoon was blootgesteld aan varkens enkele dagen voordat koorts en rillingen ontstonden en spoedeisende hulp werd gezocht. De patiënt is hersteld en contactonderzoek heeft niet geresulteerd in additionele detecties. Alertheid op influenzavirus zoönosen vanuit vogels en varkens blijft echter altijd geboden.

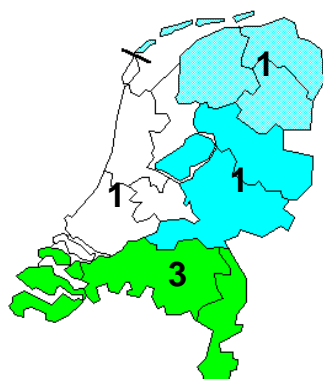


Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreerde influenza-achtige ziektebeelden (IAZ) per 10.000 inwoners per regio in week 43 van 2022 (bron: Nivel).

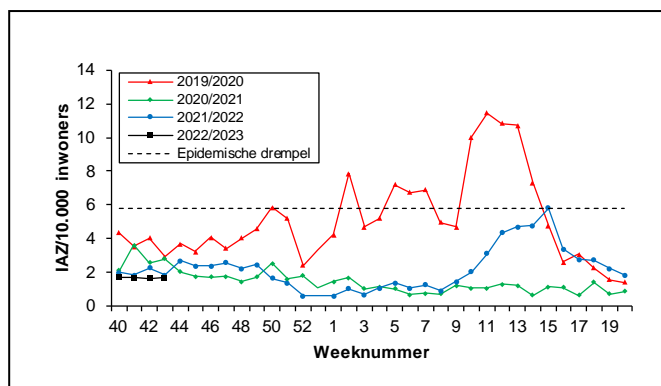


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreerde patiënten met IAZ in 2019-2023 per week en per 10.000 inwoners (bron: Nivel). De stippellijn geeft de epidemische drempel weer.

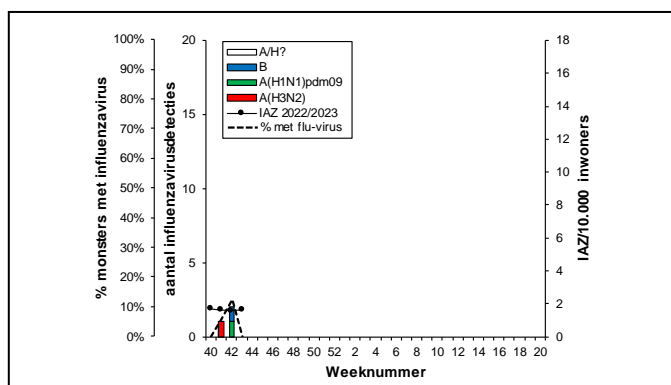


Fig. 3. Aantallen monsters van huisartspatiënten met een IAZ waarin influenzavirus is gedetecteerd en het percentage monsters waarin een influenzavirus werd aangetroffen (y-assen links), en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts) (bron: resp. RIVM en Nivel).

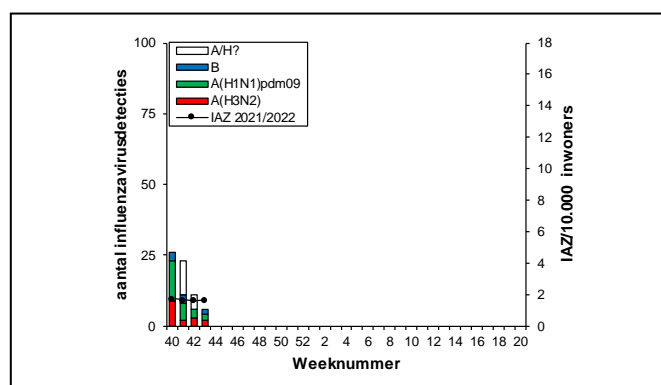


Fig. 4. Aantallen getypeerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria opgestuurde influenzavirus positieve monsters (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). Door het insturen van een selectie van influenzavirus positieve monsters is kwantitatieve interpretatie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

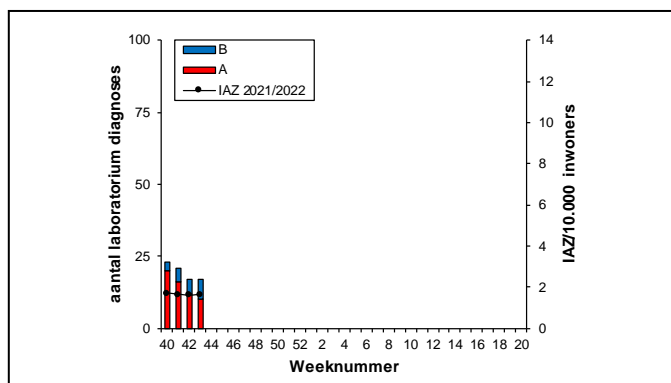


Fig. 5. Aantallen diagnoses van influenzavirus infecties gerapporteerd door de diagnostische laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie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

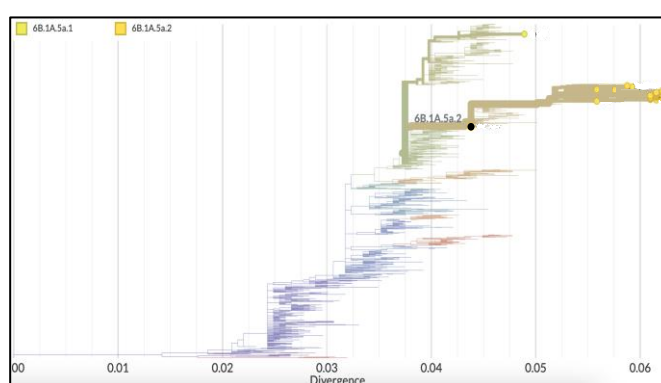


Fig. 6. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H1N1)pdm virussen. De stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 weer en de zwarte stip is de huidige vaccinstam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. De Nederlandse A(H1N1)pdm09 virussen van 2022/2023 vallen in Clade 6B.1A.5a.2 (geel) en 1 in Clade 6B.1A.5a.1 (groen). Bron: [Nextstrain](#), met dank aan [GISAIID](#).

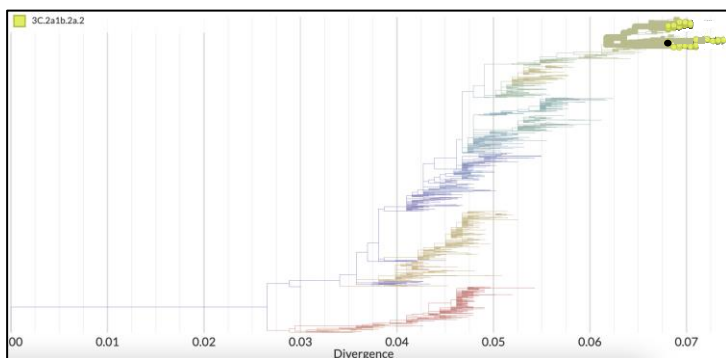


Fig. 7. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 weer en de zwarte stip is de vaccinstam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. De Nederlandse A(H3N2)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

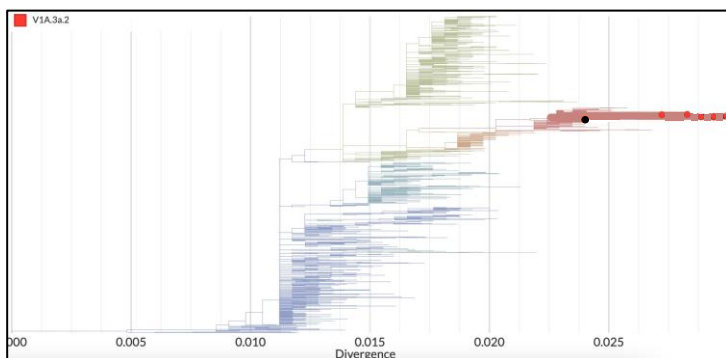


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 weer en de zwarte stip is de vaccinstam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. De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