

Griep epidemie houdt aan

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 52 van 2022 rapporteerden de huisartsen van de Nivel peilstations 6,6 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 tweede week boven deze grenswaarde. De start van de griep-epidemie werd op basis van een snelle toename van detecties van influenzavirus bij huisartsen en in ziekenhuizen al een week eerder, in week 50, aangekondigd. Veel mensen met luchtwegklachten doen nog steeds een COVID-19 zelftest, wat van invloed kan zijn op de gegevens die door de peilstations verzameld worden. De intensiteit van de epidemie lijkt voorlopig niet uitzonderlijk, maar is lastig te vergelijken met eerdere jaren.

Influenzavirusdetecties

In week 52 van 2022 werd in de 43 door peilstationhuisartsen ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ 9 keer (21%) influenza A(H1N1)pdm09 virus gevonden, 5 keer (12%) influenza A(H3N2) virus en 11 keer (26%) (influenza B virus van de Victoria-lijn (figuur 3). In 28 monsters van patiënten met een andere acute respiratoire infectie (ARI) werd 3 keer (11%) influenza A(H1N1)pdm09 virus, 2 keer (7%) influenza A(H3N2) virus en 4 keer (14%) influenza B virus van de Victoria-lijn gevonden. Sinds week 40 van 2022 is in de 862 door peilstationhuisartsen ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of ARI 56 keer A(H1N1)pdm09 virus, 31 keer influenza A(H3N2) virus en 49 keer influenza B virus van de Victoria-lijn aangetoond. Deze week werden nog steeds frequent andere luchtweg-virussen gedetecteerd, vooral de pneumovirussen RSV en HMPV (zie tabel onder) maar dit lijkt wat af te nemen.

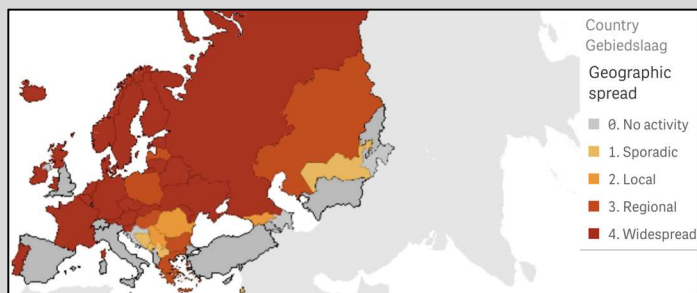
Virus	IAZ (N=43)	ARI (N=28)
Influenza A(H1N1)pdm09 virus	9 (21%)	3 (11%)
Influenza A(H3N2) virus	5 (12%)	2 (7%)
Influenza B virus, Victoria-lijn	11 (26%)	4 (14%)
SARS-CoV-2	4 (9%)	1 (4%)
Humaan seizoens-coronavirus	1 (2%)	4 (14%)
Respiratoir syncytieel virus	4 (9%)	7 (25%)
Humaan metapneumovirus	3 (7%)	3 (11%)
Parainfluenzavirus	1 (2%)	0 (0%)
Rhinovirus	3 (7%)	0 (0%)
Enterovirus	1 (2%)	0 (0%)

Sinds week 40 van 2022 werden in de virologische weekstaten door ziekenhuizen 2738 influenzavirusinfecties gerapporteerd, met veel detecties de laatste twee weken (figuur 5). Het betrof 2039 infecties (74%) met influenza A virus en 699 (26%) 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 1049 monsters ingestuurd, waarvan 303 (29%) met influenza B virus en 746 (71%) met influenza A virus. Alle gekarakteriseerde influenza B virussen waren van de Victoria lijn. Van de verder getypeerde influenza A virussen waren dit 180 A(H1N1)pdm09 virussen en 171 influenza A(H3N2) virussen, dus ongeveer gelijk verdeeld ingestuurd (figuur 4). Een aantal influenza A virussen (N=395) werd (nog) niet verder gekarakteriseerd.

Viruskarakterisatie

Sinds week 40 werden veel influenzavirussen uit de peilstations, ziekenhuizen en Infectieradar (Bron: [RIVM](#)) door middel van sequencing genetisch gekarakteriseerd. De 131 Nederlandse influenza A(H1N1)pdm09 virussen behoren op 2 na allemaal tot clade 6B.1A.5a.2, waartoe ook de vaccinstam behoort (figuur 6, groengele stippen). Alle 146 A(H3N2) virussen vallen in clade 3C.2a1b.2a.2, evenals de vaccinstam (figuur 7, gele stippen). De 94 influenza B virussen behoren allen tot clade V1A.3a.2 van de Victoria-lijn, net als de vaccinstam (figuur 8, rode stippen). Voor ieder van de circulerende virussen geldt een grote mate van genetische diversiteit. In hoeverre deze genetische diversiteit bijdraagt aan mogelijke antigene verschillen ten opzichte van het vaccin voor dit seizoen wordt nog onderzocht. Op basis van de aminozuursequenties van het hemagglutinine eiwit is de verwachting dat de antigene diversiteit meevalt.



De huidige situatie elders

In Europa is ten opzichte van vorige week nauwelijks iets veranderd, met wijdverspreide circulatie van influenzavirus in de meeste rapporterende landen (zie figuur boven). Ook in de door Europese landen gerapporteerde intensiteit veranderde weinig. In N-Amerika en W-Europa worden hoofdzakelijk influenza A virussen gezien, maar op het zuidelijke halfrond circuleert ook veel influenza B virus, net als in Nederland (Bron: [ECDC](#), [WHO](#)). In de **Verenigde Staten** neemt de influenza activiteit inmiddels 4 weken achtereen licht af na een ongebruikelijk vroege epidemie met een normale intensiteit. In Canada is afgelopen week geen update gegeven. In Noord Amerika zijn de A(H3N2) virussen veruit dominant, met veel minder A(H1N1)pdm09 virussen en nauwelijks detectie van influenza B virussen (Bron: [CDC FluView](#); [Canada Fluwatch](#)).



Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreerde influenza-achtige ziektebeelden (IAZ) per 10.000 inwoners per regio in week 52 van 2022 (bron: Nivel).

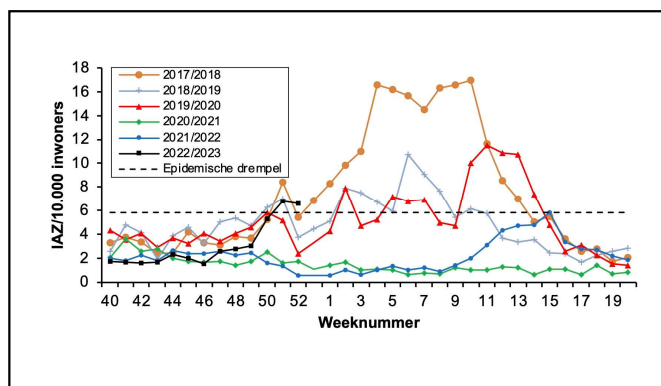


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreerde patiënten met IAZ in 2017-2023 per week en per 10.000 inwoners (bron: Nivel). De stippelijijn geeft de epidemische drempel weer. Er zijn meer historische data getoond dan gebruikelijk om een beter referentiekader te geven.

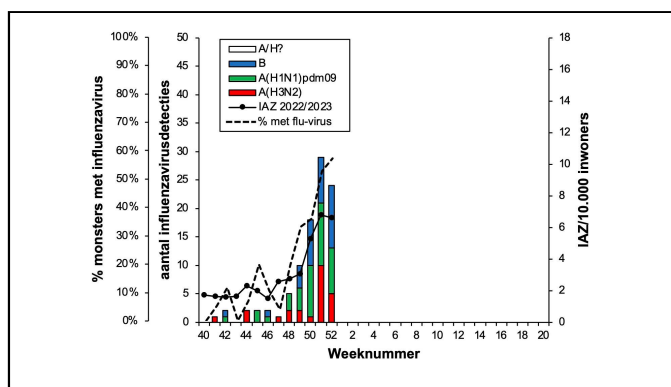


Fig. 3. Aantallen monsters van huisartspatiënten met een IAZ waarin influenzavirus is gedetecteerd en het percentage monsters waarin een influenzavirus werd aangetroffen (y-assen links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts) (bron: resp. RIVM en Nivel).

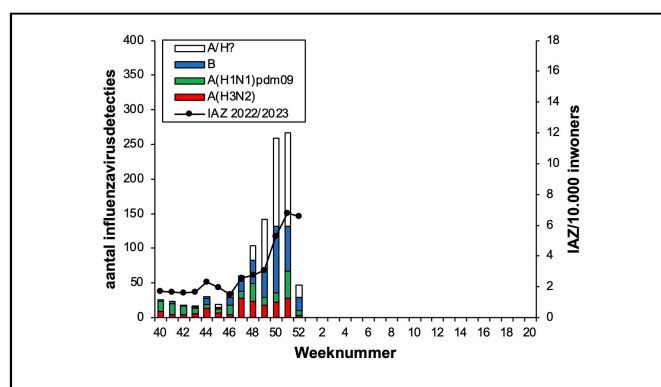


Fig. 4. Aantallen getypeerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria opgestuurde influenzavirus positieve monsters (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). Door het insturen van een selectie van influenzavirus positieve monsters is kwantitatieve interpretatie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

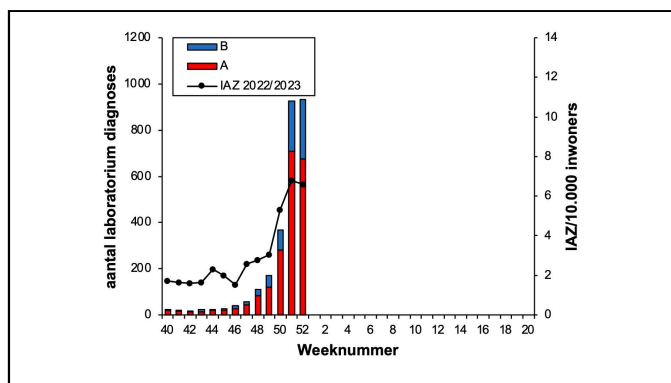


Fig. 5. Aantallen diagnoses van influenzavirus infecties gerapporteerd door de diagnostische laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie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

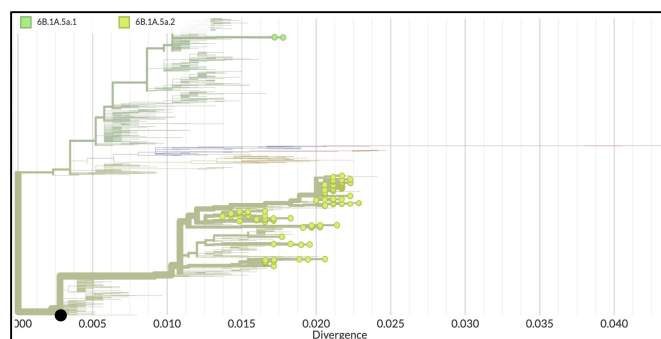


Fig. 6. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H1N1)pdm virussen. De stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 van 2022 weer en de zwarte stip is de huidige vaccinstam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld.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

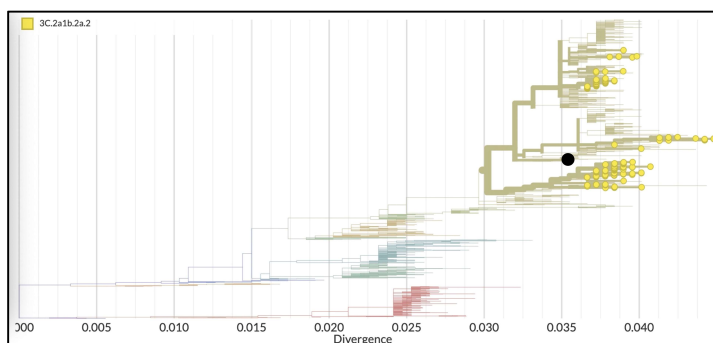


Fig. 7. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De gele stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 van 2022 weer en de zwarte stip is de vaccinstam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. De Nederlandse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

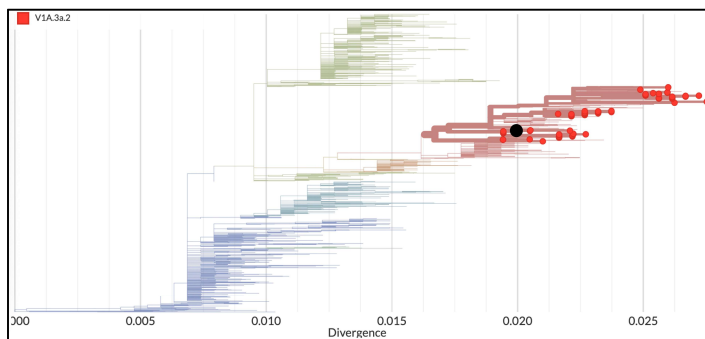


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De rode stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 van 2022 weer en de zwarte stip is de vaccinstam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in 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