

Incidentie griep stijgt verder

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 1 van 2023 rapporteerden de huisartsen van de Nivel peilstations 10,3 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 derde week boven deze grenswaarde. De start van de griepepidemie 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 is nog niet uitzonderlijk ten opzichte van epidemieën voor de COVID-19 pandemie, maar neemt wel toe. De peilstations rapporteerden de afgelopen week in de leeftijdsgroepen 15-44 jaar, 45-64 jaar en boven de 65 jaar een toename in IAZ incidentie, terwijl de IAZ incidentie bij kinderen van 0-4 jaar en 5-14 jaar afnam.

Influenzavirusdetecties

In week 1 van 2023 werd in de respectievelijk 58 en 59 door peilstationhuisartsen ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of andere acute respiratoire infectie (ARI) 27 keer (47%) en 16 keer (27%) influenzavirus gevonden. Zie onderstaande tabel voor een verdere uitsplitsing. Sinds week 40 van 2022 is in de 995 door peilstationhuisartsen ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of ARI 73 keer A(H1N1)pdm09 virus, 42 keer influenza A(H3N2) virus en 72 keer influenza B virus van de Victoria-lijn aangetoond. Er wordt nog steeds in substantiële aantallen patiënten RSV en HMPV gedetecteerd (zie tabel).

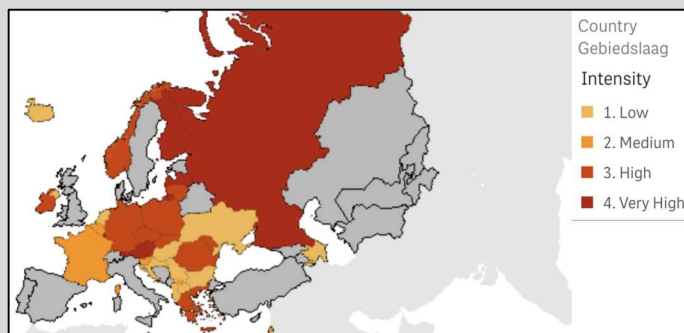
| Virus | IAZ (N=58) | Andere ARI (N=59) |
|----------------------------------|------------|-------------------|
| Influenza A(H1N1)pdm09 virus | 10 (17%) | 6 (10%) |
| Influenza A(H3N2) virus | 6 (10%) | 2 (3%) |
| Influenza B virus, Victoria-lijn | 11 (19%) | 8 (14%) |
| SARS-CoV-2 | 2 (3%) | 4 (7%) |
| Humaan seizoens-coronavirus | 3 (3%) | 4 (7%) |
| Respiratoir syncytieel virus | 4 (7%) | 4 (7%) |
| Humaan metapneumovirus | 8 (14%) | 6 (10%) |
| Parainfluenzavirus | 0 (0%) | 1 (2%) |
| Rhinovirus | 2 (3%) | 2 (3%) |
| Enterovirus | 0 (0%) | 0 (0%) |

Sinds week 40 van 2022 werden in de virologische weekstaten door ziekenhuizen 4063 influenzavirusinfecties gerapporteerd (figuur 5). Het betrof 3027 infecties (75%) met influenza A virus en 1036 (25%) 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 1243 monsters ingestuurd, waarvan 364 (29%) met influenza B virus en 879 (71%) met influenza A virus. Alle gekarakteriseerde influenza B virussen waren van de Victoria lijn. Van de verder getypeerde influenza A virussen waren dit 224 A(H1N1)pdm09 virussen en 191 influenza A(H3N2) virussen (figuur 4). Een aantal influenza A virussen (N=464) 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 176 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 179 A(H3N2) virussen vallen in clade 3C.2a1b.2a.2, evenals de vaccinstam (figuur 7, groene stippen). De 133 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. Tot zover is echter niet gebleken dat deze genetische diversiteit bijdraagt aan substantiële antigene verschillen ten opzichte van het vaccin voor dit seizoen. Ook op basis van de aminozuursequenties van het hemagglutinine eiwit is de verwachting dat er een goede match is met het vaccin.



De huidige situatie elders

In **Europa** meldden de meeste rapporterende landen wijdverspreide influenza activiteit. Diverse landen meldden een hoge of zelfs zeer hoge intensiteit (zie figuur boven). Die intensiteit is nu waarschijnlijk weer vooral een reflectie van de influenza activiteit, hoewel andere infecties met luchtwegvirussen zoals SARS-CoV-2 ook een rol kunnen spelen (Bron: [ECDC](#)).

In de **Verenigde Staten** en **Canada** neemt de influenza activiteit sinds week 48 gestaag af na een ongebruikelijk vroege epidemie met een normale intensiteit. A(H3N2) virussen zijn dominant met veel minder A(H1N1)pdm09 virussen en nauwelijks influenza B. De geteste influenza A virussen vertonen een goede antigene match met het vaccin (Bron: [CDC FluView](#); [Canada Fluwatch](#)).

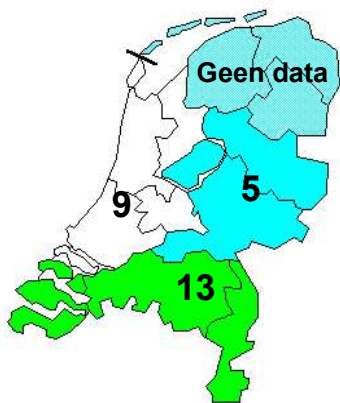


Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreerde influenza-achtige ziektebeelden (IAZ) per 10.000 inwoners per regio in week 1 van 2023 (bron: Nivel). Door een technisch probleem ontbreken data voor regio noord.

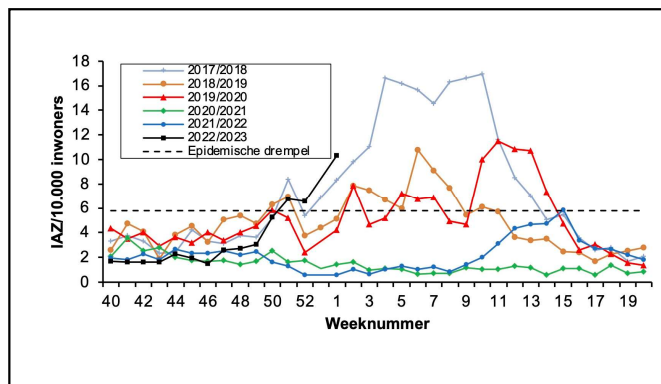


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreerde patiënten met IAZ in 2017-2023 per week en per 10.000 inwoners (bron: Nivel). De stippelijijn geeft de epidemische drempel weer. Er zijn meer historische data getoond dan gebruikelijk om een beter referentiekader te geven.

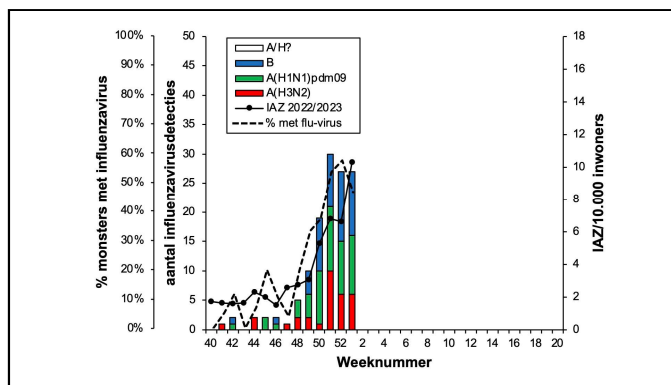


Fig. 3. Aantallen monsters van huisartspatiënten met een IAZ waarin influenzavirus is gedetecteerd en het percentage monsters waarin een influenzavirus werd aangetroffen (y-assen links), en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts) (bron: resp. RIVM en Nivel).

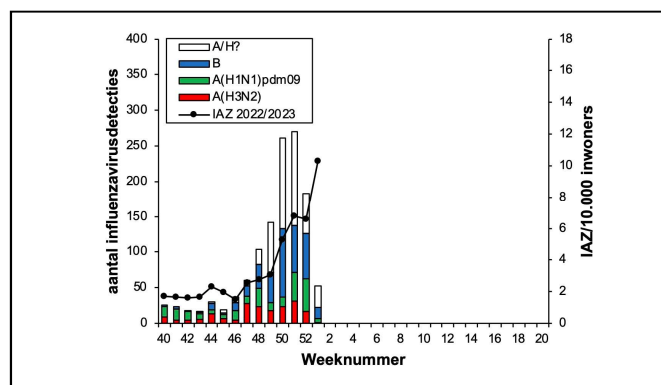


Fig. 4. Aantallen getypeerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria opgestuurde influenzavirus positieve monsters (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). Door het insturen van een selectie van influenzavirus positieve monsters is kwantitatieve interpretatie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

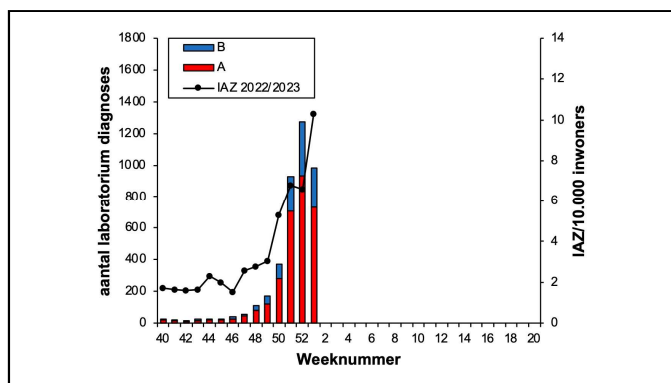


Fig. 5. Aantallen diagnoses van influenzavirus infecties gerapporteerd door de diagnostische laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie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

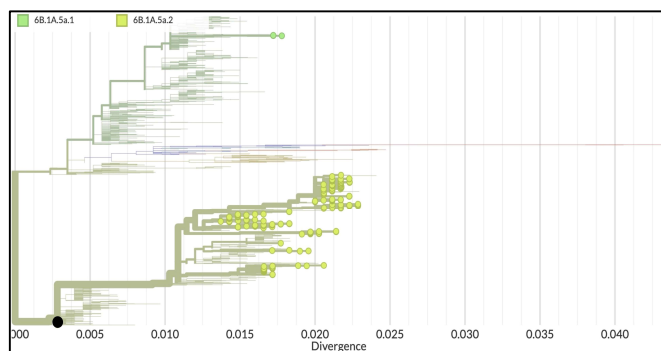


Fig. 6. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H1N1)pdm virussen. De stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 van 2022 weer en de zwarte stip is de huidige vaccinstam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. 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](#).

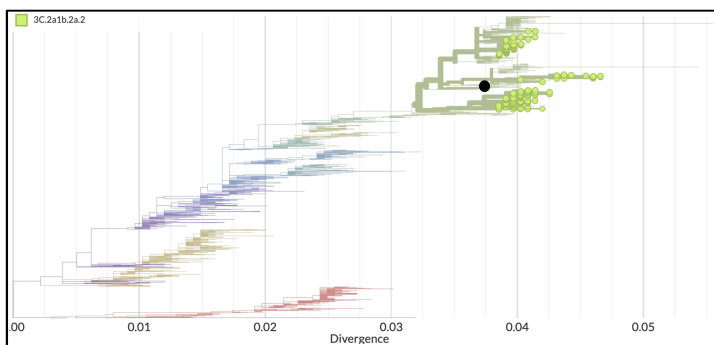


Fig. 7. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De gele stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 van 2022 weer en de zwarte stip is de vaccinstam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. De Nederlandse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

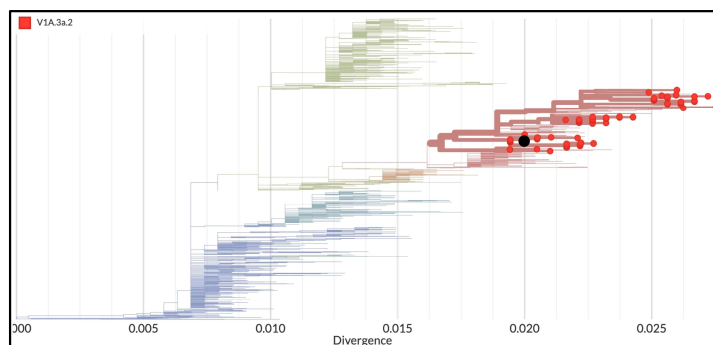


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De rode stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 van 2022 weer en de zwarte stip is de vaccinstam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in 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 antigen 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-Surveilliance
2022-2023