

Griepepidemie over hoogtepunt heen?

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 2 van 2023 rapporteerden de huisartsen van de Nivel peilstations 6,5 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 vierde 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 invloed kan hebben op de gegevens die door de peilstations verzameld worden. De intensiteit van de epidemie liep de laatste week af, van 9,9 naar 6,5 patiënten met IAZ per 10.000 inwoners. Ook de virusdetecties liepen terug (zie onder). Het einde van de griep-epidemie is daarmee nog niet per se in zicht want in recente epidemieën zagen we vaker fluctuaties in IAZ incidentie (figuur 1). Volgende week zien we of de dalende trend doorzet.

Influenzavirusdetecties

In week 2 van 2023 werd in de respectievelijk 41 en 41 door peilstationhuisartsen ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of andere acute respiratoire infectie (ARI) 15 keer (37%) en 9 keer (22%) influenzavirus gevonden. Zie onderstaande tabel voor een verdere uitsplitsing. Sinds week 40 van 2022 is in de 1082 door peilstationhuisartsen ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of ARI 82 keer A(H1N1)pdm09 virus, 46 keer influenza A(H3N2) virus en 84 keer influenza B virus van de Victoria-lijn aangetoond. Er wordt steeds minder RSV en HMPV gedetecteerd in patiënten met IAZ en ARI, maar deze virussen circuleren nog steeds (zie tabel).

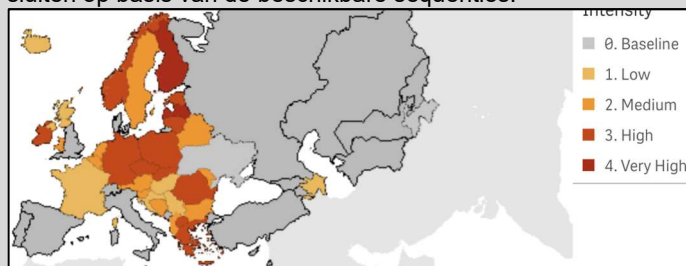
Virus	IAZ (N=41)	Andere ARI (N=41)
Influenza A(H1N1)pdm09 virus	4 (10%)	5 (12%)
Influenza A(H3N2) virus	4 (10%)	0 (0%)
Influenza B virus, Victoria-lijn	7 (17%)	4 (10%)
SARS-CoV-2	0 (0%)	1 (2%)
Humaan seizoens-coronavirus	0 (0%)	1 (2%)
Respiratoir syncytieel virus	0 (0%)	4 (10%)
Humaan metapneumovirus	5 (12%)	4 (10%)
Parainfluenzavirus	0 (0%)	0 (0%)
Rhinovirus	3 (7%)	2 (5%)
Enterovirus	0 (0%)	0 (0%)

Sinds week 40 van 2022 werden in de virologische weekstaten door ziekenhuizen 4753 influenzavirusinfecties gerapporteerd (figuur 5). Het betrof 3531 infecties (74%) met influenza A virus en 1222 (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 1406 monsters ingestuurd, waarvan 428 (30%) met influenza B virus en 978 (70%) met influenza A virus. Alle gekarakteriseerde influenza B virussen waren van de Victoria lijn. Van de verder getypeerde influenza A virussen waren dit 248 A(H1N1)pdm09 virussen en 202 influenza A(H3N2) virussen (figuur 4). Een aantal influenza A virussen (N=528) 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 218 Nederlandse influenza A(H1N1)pdm09 virussen behoren op 4 na allemaal tot clade 6B.1A.5a.2, waartoe ook de vaccinstam behoort (figuur 6, gele stippen). Alle 211 A(H3N2) virussen vallen in clade 3C.2a1b.2a.2, evenals de vaccinstam (figuur 7, groene stippen). De 172 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. Echter, antisera van fretten die zijn opgewekt tegen de vaccincomponenten voor dit seizoen herkennen de tot zover geanalyseerde Nederlandse virussen goed. Deze goede match met het vaccin is in overeenstemming met de hemagglutinine eiwitsequenties van de Nederlandse virussen. Binnen de groep van A(H3N2) virussen heeft een aminozuursubstitutie op positie 156 van het hemagglutinine waarschijnlijk wel een effect op herkenning door antistoffen. Ongeveer de helft van de virussen in Nederland heeft deze substitutie. Voor de A(H1N1)pdm09 virussen meldde ECDC eerder dit seizoen al dat humane post-vaccinatie sera de in Europa circulerende virussen minder goed herkennen, in tegenstelling tot frettersera (Bron: [ECDC](#)). Voor het zuidelijk halfrond werd daarom de vaccin-component veranderd naar een A/Sydney/5/2021-achtig virus, dat ook bij ons wat beter aan zou sluiten op basis van de beschikbare sequenties.



De huidige situatie elders

In Europa meldden de meeste rapporterende landen opnieuw wijdverspreide influenza activiteit. Er was afgelopen week weinig verandering in de intensiteit die door landen werd gemeld (zie figuur boven). Die intensiteit is waarschijnlijk vooral een reflectie van de influenza activiteit maar andere luchtwegvirussen zoals SARS-CoV-2 kunnen ook een rol spelen (Bron: [ECDC](#)).



Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreerde influenza-achtige ziektebeelden (IAZ) per 10.000 inwoners per regio in week 2 van 2023 (bron: Nivel). Door een technisch probleem ontbreken data voor regio noord.

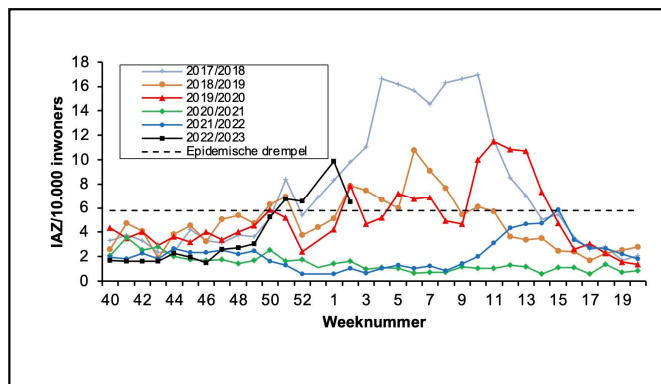


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreerde patiënten met IAZ in 2017-2023 per week en per 10.000 inwoners (bron: Nivel). De stippelijijn geeft de epidemische drempel weer. Er zijn meer historische data getoond dan gebruikelijk om een beter referentiekader te geven.

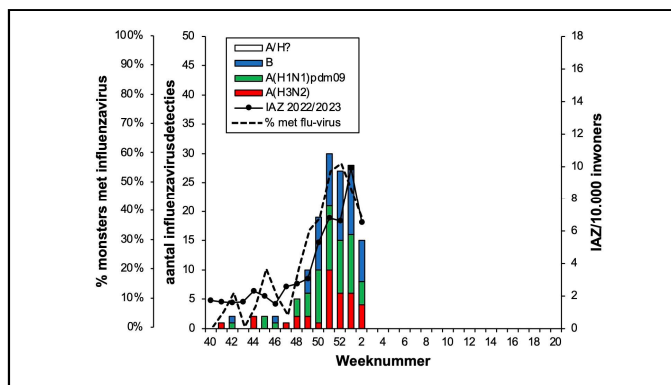


Fig. 3. Aantallen monsters van huisartspatiënten met een IAZ waarin influenzavirus is gedetecteerd en het percentage monsters waarin een influenzavirus werd aangetroffen (y-assen links), en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts) (bron: resp. RIVM en Nivel).

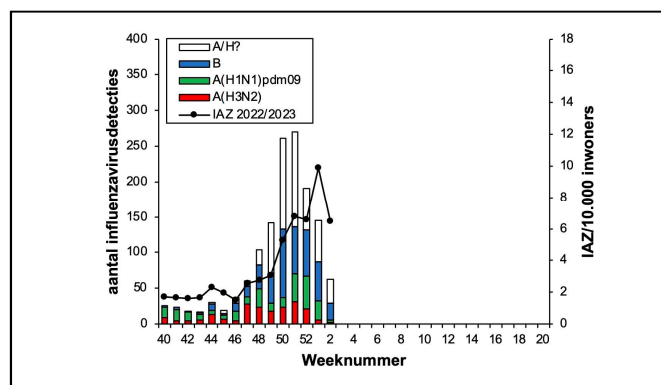


Fig. 4. Aantallen getypeerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria opgestuurde influenzavirus positieve monsters (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). Door het insturen van een selectie van influenzavirus positieve monsters is kwantitatieve interpretatie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

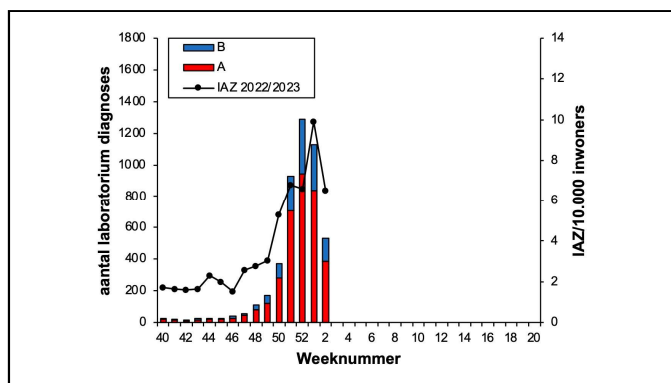


Fig. 5. Aantallen diagnoses van influenzavirus infecties gerapporteerd door de diagnostische laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie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

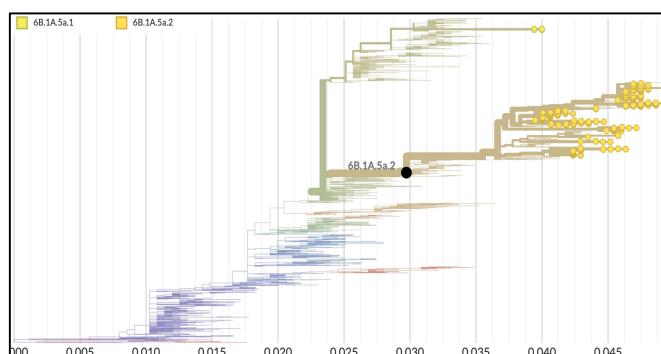


Fig. 6. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H1N1)pdm virussen. De stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 van 2022 weer en de zwarte stip is de huidige vaccin-stam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. De Nederlandse A(H1N1)pdm09 virussen van 2022/2023 vallen in Clade 6B.1A.5a.2 (geel) en 4 in Clade 6B.1A.5a.1 (groen/gele stippen boven, door overlap niet allen te zien). Bron: [Nextstrain](#), met dank aan [GISAID](#).

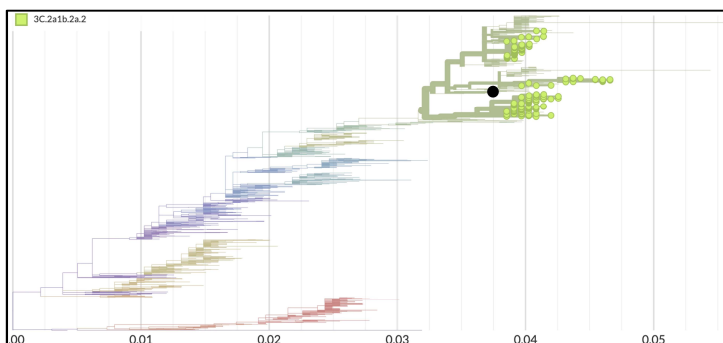


Fig. 7. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De groene stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 van 2022 weer en de zwarte stip is de vaccinstam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. De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

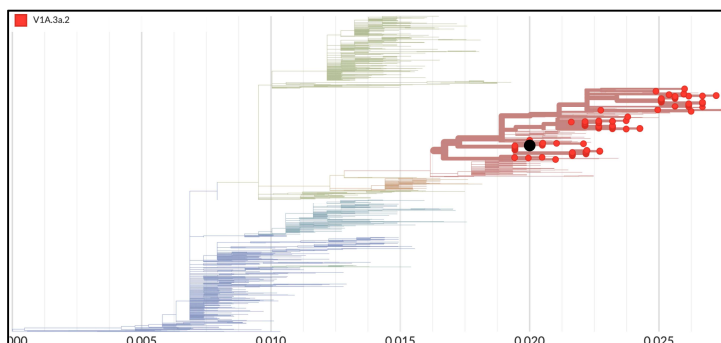


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De rode stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 van 2022 weer en de zwarte stip is de vaccinstam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in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

Marjolijn Bechthold - Hoogstad, 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