

Nog steeds veel griepvirus

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 8 van 2023 rapporteerden de huisartsen van de Nivel peilstations 4,1 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 zesde achtereenvolgende week onder deze IAZ grenswaarde sinds de epidemie in week 50 van 2022 begon. Maar nog altijd werden er relatief veel influenzavirussen gedetecteerd in de peilstations en ziekenhuizen waardoor we nog steeds van een epidemie spreken.

Influenzavirusdetecties

In week 8 van 2023 werd in de respectievelijk 27 en 25 door peilstationhuisartsen ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of een andere acute respiratoire infectie (ARI) 13 keer (48%) en 5 keer (20%) influenzavirus gevonden. Zie de tabel voor een uitsplitsing. Sinds week 40 van 2022 is in de 1460 door peilstationhuisartsen ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of ARI 133 keer A(H1N1)pdm09 virus, 65 keer influenza A(H3N2) virus en 174 keer influenza B virus van de Victoria-lijn aangetoond. Door te lage virus load konden 1 influenza B virus en 2 influenza A virussen niet verder worden gekarakteriseerd.

Virus	IAZ (N=27)	Andere ARI (N=25)
Influenza A(H1N1)pdm09 virus	3 (11%)	1 (4%)
Influenza A(H3N2) virus	1 (4%)	1 (4%)
Influenza B virus, Victoria-lijn	9 (33%)	3 (12%)
SARS-CoV-2	5 (19%)	2 (8%)
Humaan seizoens-coronavirus	2 (7%)	1 (4%)
Respiratoir syncytieel virus	3 (11%)	3 (12%)
Humaan metapneumovirus	1 (4%)	0 (0%)
Parainfluenzavirus	0 (0%)	0 (0%)
Rhinovirus	3 (11%)	3 (12%)
Enterovirus	0 (0%)	0 (0%)

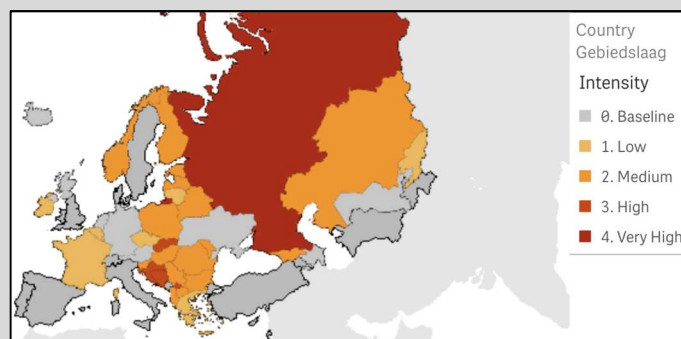
Sinds week 40 van 2022 werden in de virologische weekstaten door ziekenhuizen 8435 influenzavirusinfecties gerapporteerd (figuur 5). Het betrof 6095 infecties (72%) met influenza A virus en 2340 (28%) met influenza B virus. Er werden dit seizoen door diverse ziekenhuizen (deels overlappend met de weekstaten) influenzavirus-positieve monsters ingestuurd naar het Nationaal Influenza Centrum voor typering. Sinds week 40 werden via dit circuit 2179 monsters ingestuurd, waarvan 712 (33%) met influenza B virus en 1467 (67%) met influenza A virus. Alle gekarakteriseerde influenza B virussen waren van de Victoria lijn. Van de verder gesubtypeerde influenza A virussen waren dit 328 A(H1N1)pdm09 virussen en 236 influenza A(H3N2) virussen (figuur 4). Een aantal influenza A virussen (N=903) werd (nog) niet verder gesubtypeerd door te lage virus load of door prioritering.

Viruskarakterisatie

Sinds week 40 werden 994 influenzavirussen uit de peilstations, ziekenhuizen en Infectieradar (Bron: RIVM) door middel van sequencing genetisch gekarakteriseerd en via GISAID gedeeld. Van de 384 influenza A(H1N1)pdm09 virussen in GISAID behoren er 8 tot clade 6B.1A.5a.1 en 376 tot clade 6B.1A.5a.2 waartoe ook de vaccinstam behoort (figuur 6). Alle 288 A(H3N2) virussen vallen in clade 3C.2a1b.2a.2, evenals de vaccinstam (figuur 7). De 320 influenza B virussen behoren allen tot clade V1A.3a.2 van de Victoria-lijn, net als de vaccinstam (figuur 8). De virussen van alle (sub)typen waren genetisch divers en de influenza A virussen werden daarom verder onderverdeeld in nieuwe clades. Antisera van fretten opgewekt tegen de vaccincomponenten voor dit seizoen herkennen echter veruit de meeste van de geanalyseerde Nederlandse virussen goed. Ongeveer de helft van de A(H3N2) virussen in Nederland heeft een aminozuur-substitutie op positie 156 van het hemagglutinine die een effect heeft op herkenning door antistoffen.

Aanbeveling vaccinsamenstelling voor 2023-2024

In Geneve is vorige week de WHO vergadering gehouden om de vaccincomponenten voor het seizoen 2023-2024 te kiezen. Voor A(H1N1)pdm09 is een update voorgesteld omdat humane sera na vaccinatie met het oude vaccin beduidend minder goed reageerden met de circulerende 6B.1A.5a.2 varianten. Voor de A(H3N2) component werd geen update voorgesteld omdat de circulerende varianten geen significante afname in reactiviteit lieten zien met humane post-vaccinatie sera opgewekt tegen het huidige vaccin. Ook de grote meerderheid van de circulerende B/Victoria virussen werd goed herkend door humane sera opgewekt tegen het huidige vaccin. Aangezien B/Yamagata virussen sinds Maart 2020 niet meer zijn waargenomen, werd voorgesteld om slechts 1 van de componenten van het vaccin aan te passen voor 2023-2024 (Bron: WHO, zie ook pagina 3).



De huidige situatie elders

In Europa rapporteren veel landen basale influenza (IAZ/ARI) activiteit (zie figuur boven). De resterende activiteit komt geografische wijdverspreid in Europa voor (Bron: ECDC).



Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreerde influenza-achtige ziektebeelden (IAZ) per 10.000 inwoners per regio in week 8 van 2023 (bron: Nivel). Door een technisch probleem ontbreken data voor regio noord.

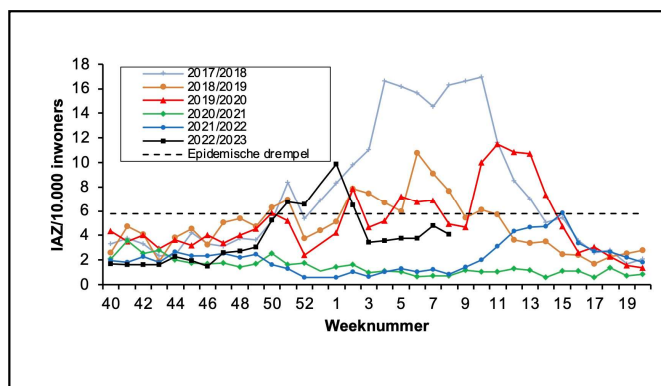


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreerde patiënten met IAZ in 2017-2023 per week en per 10.000 inwoners (bron: Nivel). De stippellijn geeft de epidemische drempel weer. Er zijn meer historische data getoond dan gebruikelijk om een beter referentiekader te geven.

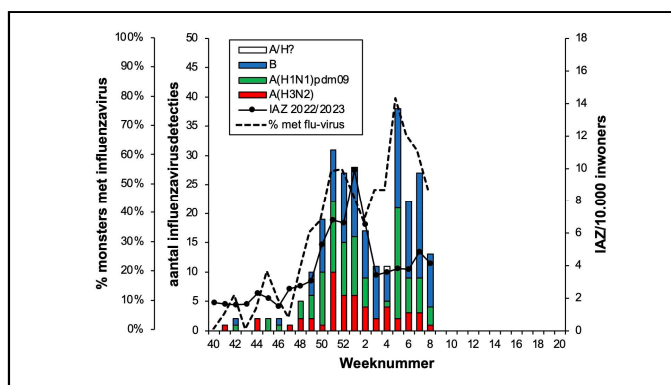


Fig. 3. Aantallen monsters van huisartspatiënten met een IAZ waarin influenzavirus is gedetecteerd en het percentage monsters waarin een influenzavirus werd aangetroffen (y-assen links), en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts) (bron: resp. RIVM en Nivel).

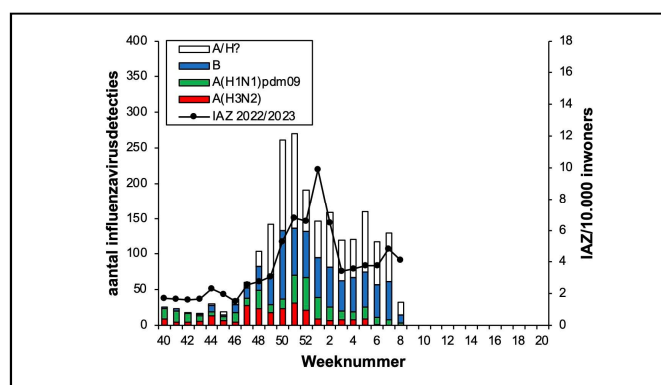


Fig. 4. Aantallen getypeerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria opgestuurde influenzavirus positieve monsters (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). Door het insturen van een selectie van influenzavirus positieve monsters is kwantitatieve interpretatie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

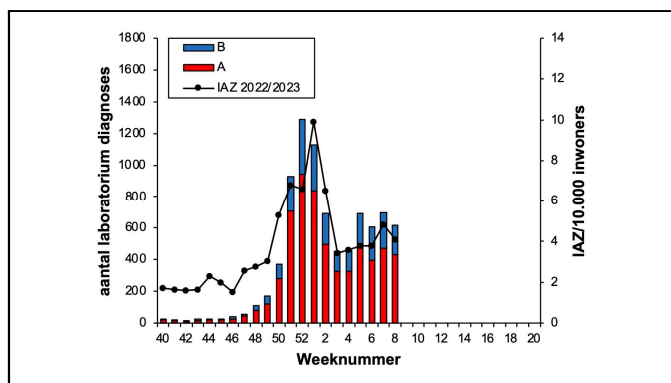


Fig. 5. Aantallen diagnoses van influenzavirus infecties gerapporteerd door de diagnostische laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie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

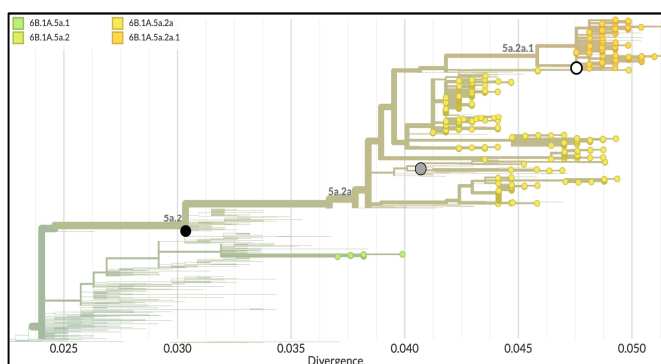


Fig. 6. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H1N1)pdm09 virussen. Stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 van 2022 weer. De zwarte stip is de huidige vaccinstam en de witte die voor volgend seizoen. De grijze stip is de vaccinstam voor het zuidelijk halfrond. Clades zijn in kleuren weergegeven en dunne lijntjes representeren virussen van elders. De Nederlandse virussen van 2022/2023 vallen in Clade 6B.1A.5a.2 (geel-tinten) en 8 in Clade 6B.1A.5a.1 (groene stippen, door overlap niet allen te zien). Bron: [Nextstrain](#), met dank aan [GISAID](#).

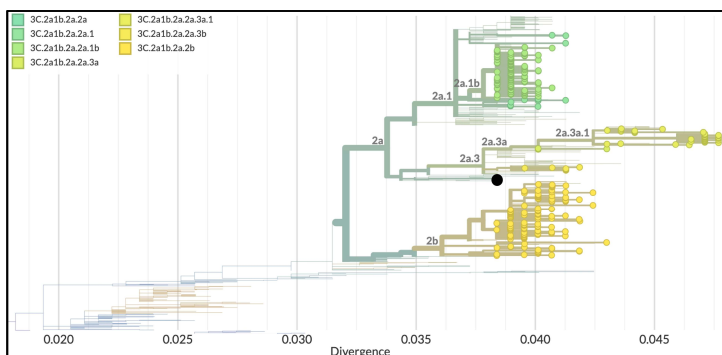


Fig. 7. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 van 2022 weer. De zwarte stip is de huidige vaccinstam en voor het volgende seizoen. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen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

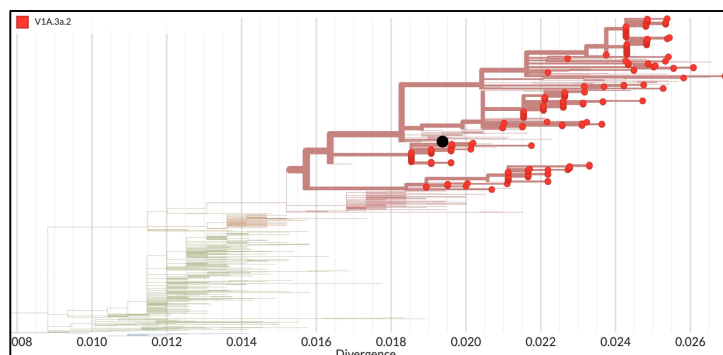


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De rode stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 van 2022 weer en de zwarte stip is de huidige vaccinstam en voor het volgende seizoen. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren 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 2023/2024

- A/Victoria/4897/2022-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