

# De griep epidemie is begonnen

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 50 van 2022 rapporteerden de huisartsen van de Nivel peilstations 5,2 patiënten met influenza-achtig ziektebeeld (IAZ) per 10.000 inwoners (figuur 1, 2). In Nederland spreken we normaliter 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](#)). Hoewel op dit moment in Nederland niet aan beide voorwaarden voldaan wordt kondigen we deze week toch **de start van de griep epidemie** aan. 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. We zien de laatste twee weken dat bij de huisartsen het aantal mensen met IAZ flink toeneemt en dat er in deze patiënten ook steeds vaker influenzavirus wordt gedetecteerd. Ook in de ziekenhuizen wordt meer influenzavirus gedetecteerd. Deze getallen zijn vergelijkbaar met de start van epidemieën uit het recente verleden. Momenteel worden echter ook diverse andere luchtwegvirussen gedetecteerd in patiënten met respiratoire klachten (zie onder), en hebben we dus niet alleen te maken met een griep epidemie.

## Influenzavirusdetecties

In week 50 van 2022 werd in de 47 door peilstationhuisartsen ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ 7 keer (15%) influenza A(H1N1)pdm09 virus gevonden, 7 keer (15%) influenza B virus van de Victoria-lijn en 1 keer (2%) influenza A(H3N2) virus (figuur 3). Daarnaast werd 10 keer humaan metapneumovirus (HMPV), 7 keer respiratoir syncytiaal virus (RSV), 4 keer rhinovirus, 2 keer humaan seizoenscoronavirus (hCoV) en 1 keer parainfluenzavirus (PIV) aangetroffen. In 55 monsters van patiënten met een andere acute respiratoire infectie (ARI) werd 4 keer (7%) influenza A(H1N1)pdm09 virus, 1 keer (2%) influenza A(H3N2) virus en 1 keer (2%) influenza B virus van de Victoria-lijn gevonden. Verder werd 13 keer HMPV, 4 keer RSV, 5 keer hCoV, 10 keer rhinovirus en 3 keer SARS-CoV-2 aangetroffen. Sinds week 40/2022 is in de 677 door peilstationhuisartsen ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of ARI 30 keer A(H1N1)pdm09 virus, 12 keer influenza A(H3N2) virus en 17 keer influenza B virus van de Victoria-lijn aangetoond. Hoewel de pneumovirussen RSV en HMPV in de peilstation-patiënten nog steeds veel gezien worden nemen de detecties van influenzavirussen nu snel toe (figuur 3).

Sinds week 40 van 2022 werden in de virologische weekstaten door ziekenhuizen 867 influenzavirusinfecties gerapporteerd, snel oplopend in aantallen (figuur 5). Het betrof 647 infecties (75%) met influenza A virus en 220 (25%) met influenza B virus. 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 162 influenza B virussen, 118 A(H1N1)pdm09 virussen en 110 influenza A(H3N2) virussen ingestuurd (figuur 4). Een aantal influenza A virussen (N=161) werd (nog) niet verder gekarakteriseerd.

## Viruskarakterisatie

Sinds week 40 werden 255 influenzavirussen uit de peilstations, ziekenhuizen en Infectieradar (Bron: [RIVM](#)) 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 maar deze virussen zijn genetisch zeer divers (figuur 7, groene stippen). De influenza B virussen behoren allen tot clade V1A.3a.2 van de Victoria-lijn, net als de vaccinstam, maar zijn ook genetisch divers (figuur 8, rode stippen). In hoeverre de waargenomen genetische diversiteit bijdraagt aan mogelijke antigene verschillen ten opzichte van het vaccin voor dit seizoen wordt nog onderzocht.



## De huidige situatie elders

In **Europa** melden inmiddels veel landen wijdverspreide circulatie van influenzavirus (zie figuur boven), hoewel de intensiteit daarvan veelal nog laag of gemiddeld is. In Europa werden vergeleken met Nederland proportioneel veel minder influenza B virussen gedetecteerd. Op het noordelijk halfrond domineren influenza A virussen met vooral veel A(H3N2), terwijl relatief veel influenza B virussen worden gezien op het zuidelijk halfrond. Influenza B virussen van de Victoria lijn zijn ook dominant in enkele landen net buiten de EU/EEA, zoals Kazachstan, Kirgizstan en enkele Balkan landen (Bron: [ECDC](#), [WHO](#)).

In de **Verenigde Staten** en in **Canada** neemt de influenza activiteit inmiddels weer licht af na een ongebruikelijk vroege epidemie met een intensiteit zoals we die van voor de COVID-19 pandemie kennen. In beide landen werden nauwelijks influenza B virussen gezien (Bron: [CDC FluView](#); [Canada Fluwatch](#)).



Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreerde influenza-achtige ziektebeelden (IAZ) per 10.000 inwoners per regio in week 50 van 2022 (bron: Nivel).

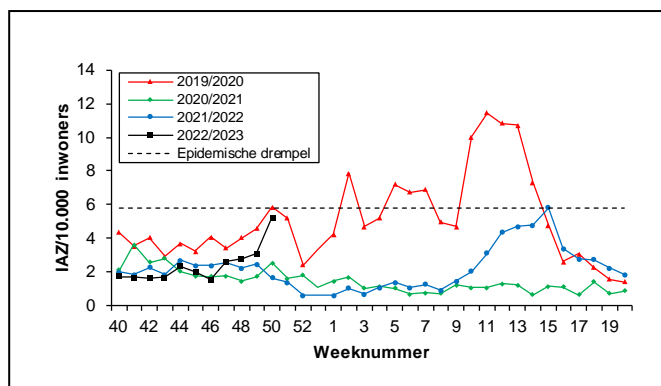


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreerde patiënten met IAZ in 2019-2023 per week en per 10.000 inwoners (bron: Nivel). De stippellijn geeft de epidemische drempel weer.

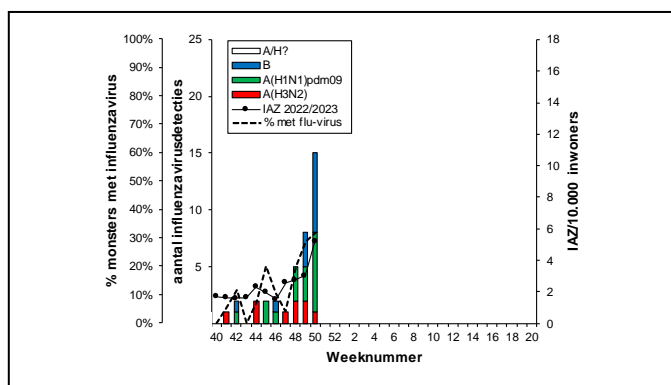


Fig. 3. Aantallen monsters van huisartspatiënten met een IAZ waarin influenza virus is gedetecteerd en het percentage monsters waarin een influenza virus werd aangetroffen (y-assen links), en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts) (bron: resp. RIVM en Nivel).

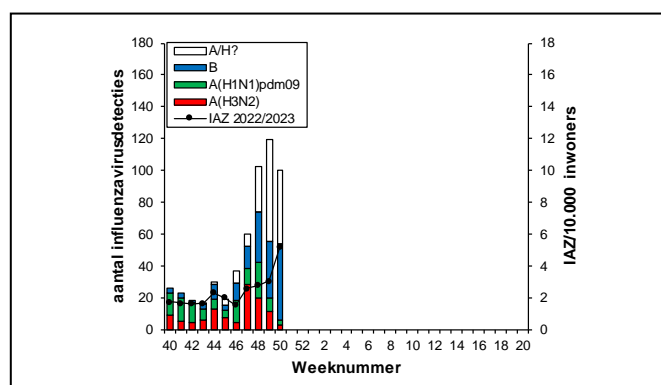


Fig. 4. Aantallen getypeerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria opgestuurde influenza virus positieve monsters (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). Door het insturen van een selectie van influenza virus positieve monsters is kwantitatieve interpretatie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

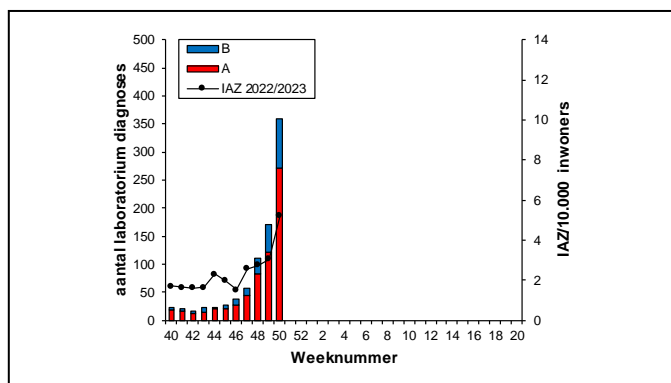


Fig. 5. Aantallen diagnoses van influenza virus infecties gerapporteerd door de diagnostische laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data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

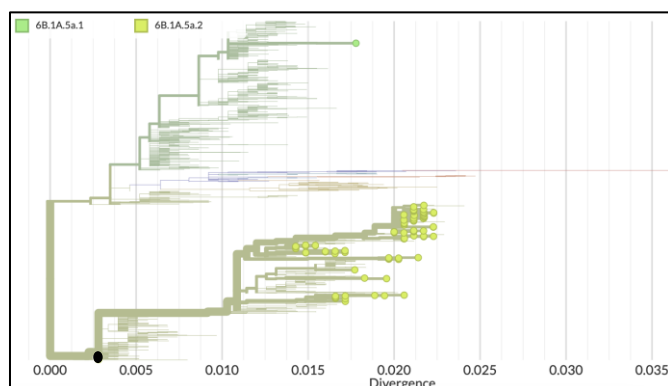


Fig. 6. Stamboom voor het hemagglutinine gen van 105 A(H1N1)pdm virussen. De stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 weer en de zwarte stip is de huidige vaccinstam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. De 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 [GISAID](#).

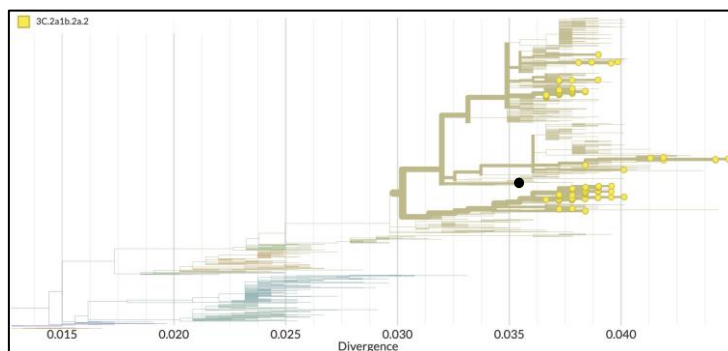


Fig. 7. Stamboom voor het hemagglutinine gen van 94 A(H3N2) virussen. De gele stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 weer en de zwarte stip is de vaccinstam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. De Nederlandse A(H3N2) virussen vallen in Clade 3C.2a1b.2a.2. Bron: [Nextstrain](#), met dank aan [GISAID](#).

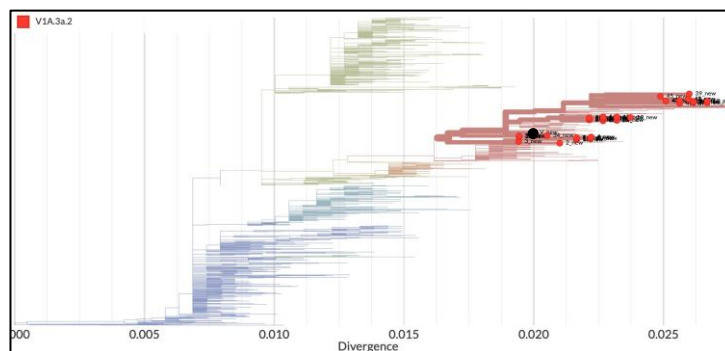


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van 56 virussen uit de B/Victoria lijn. De rode stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 weer en de zwarte stip is de vaccinstam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. 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 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](mailto: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