

In Nederland nog geen griep epidemie

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 47 van 2022 rapporteerden de huisartsen van de Nivel peilstations 2,6 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](#)). Aan beide voorwaarden wordt op dit moment in Nederland nog niet voldaan. Echter, 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. Daardoor is het onzeker of de definitie gehanteerd kan worden zoals voor de COVID-19 pandemie, of dat we net als vorig seizoen ook naar de virusdetecties moeten kijken. Hoewel er een toename was van meldingen van influenzavirusinfecties in ziekenhuizen (zie onder) spreken we nog niet van een griep epidemie.

Influenzavirusdetecties

In week 47 van 2022 werd in de 22 door peilstationhuisartsen ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ 1 keer (5%) influenza A(H3N2) virus gevonden (figuur 3). Daarnaast werd 7 keer respiratoir syncytiaal virus (RSV), 3 keer humaan seizoenscoronavirus (hCoV), 1 keer humaan metapneumovirus (HMPV), en 1 keer rhinovirus aangetroffen. In 46 monsters van patiënten met een andere acute respiratoire infectie (ARI) werd 1 keer (2%) influenza A(H3N2) virus en 1 keer (2%) influenza A(H1N1)pdm09 virus gevonden. Verder werd 9 keer HMPV, 8 keer RSV, 4 keer hCoV en 4 keer rhinovirus aangetroffen. Sinds week 40/2022 is in de 431 door peilstationhuisartsen ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of ARI 9 keer A(H1N1)pdm09 virus, 5 keer influenza A(H3N2) virus en 3 keer influenza B virus van de Victoria-lijn aangetoond. Op dit moment domineren dus de pneumovirussen RSV en HMPV in de peilstations en worden nog weinig influenzavirussen gezien.

Sinds week 40 van 2022 werden in de virologische weekstaten door ziekenhuizen 225 influenzavirusinfecties gerapporteerd. Het betrof 172 infecties (76%) met influenza A virus en 53 (24%) met influenza B virus (figuur 5). 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 57 A(H1N1)pdm09 virussen, 45 influenza A(H3N2) virussen en 33 influenza B virussen ingestuurd (figuur 4). Een aantal influenza A virussen (N=36) werd (nog) niet verder gekarakteriseerd.

Viruskarakterisatie

Sinds week 40 werden 97 influenzavirussen uit de peilstations en ziekenhuizen 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

Het ECDC heeft deze week voor **Europa** de start van de influenza epidemie aangekondigd, omdat in twee opeenvolgende weken (week 45 en 46) in meer dan 10% van de monsters die zijn afgenomen bij patiënten die de huisarts bezochten met een ILI of ARI een influenzavirus werd aangetoond. In Nederland hanteren we echter een andere epidemische grens en spreken we dus nog niet van een epidemie (zie links). Duitsland, Malta, Roemenië, Schotland en Kazachstan meldden wijdverspreide circulatie van influenzavirus. Alleen in Kazachstan was sprake van een hoge intensiteit van viruscirculatie, met bijna alleen influenza B virus van de Victoria-lijn. In Europa als geheel werden A(H3N2) virussen het vaakst aangetroffen (Bron: [ECDC](#)).



Zowel in de **Verenigde Staten** als in **Canada** is inmiddels enkele weken sprake van een verhoogde en sterk toenemende influenza activiteit. In beide landen lijkt de epidemie als vanouds op gang gekomen, maar enkele weken vroeger dan gebruikelijk was voor de COVID-19 pandemie. In beide landen worden veel A(H3N2) virussen gevonden, veel minder A(H1N1)pdm09 virussen, en nauwelijks influenza B virussen (Bron: [CDC FluView](#); [Canada Fluwatch](#)).

Ook in **andere landen wereldwijd** domineren A(H3N2) virussen het beeld, met uitzondering van enkele landen in centraal en zuidoost Azië en west Afrika, waar influenza B virussen van de Victoria-lijn domineren (Bron: [WHO](#)). Influenza B virussen van de Yamagata-lijn worden al een tijd lang niet meer gemeld.



Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreerde influenza-achtige ziektebeelden (IAZ) per 10.000 inwoners per regio in week 47 van 2022 (bron: Nivel).

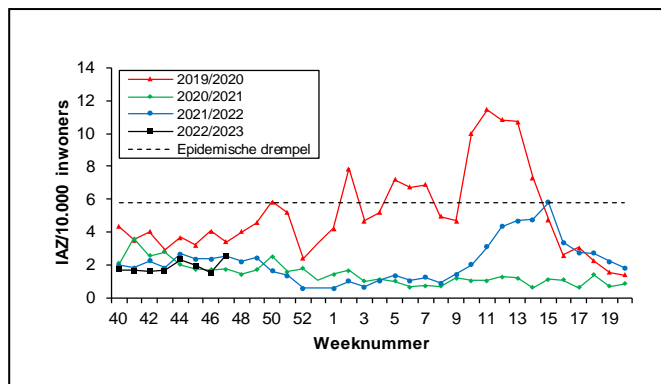


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreerde patiënten met IAZ in 2019-2023 per week en per 10.000 inwoners (bron: Nivel). De stippellijn geeft de epidemische drempel weer.

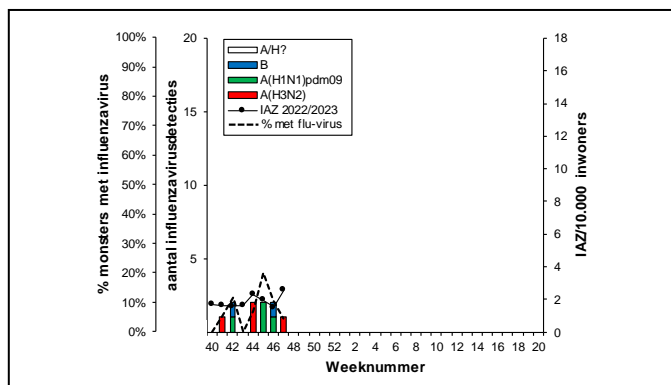


Fig. 3. Aantallen monsters van huisartspatiënten met een IAZ waarin influenzavirus is gedetecteerd en het percentage monsters waarin een influenzavirus werd aangetroffen (y-assen links), en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts) (bron: resp. RIVM en Nivel).

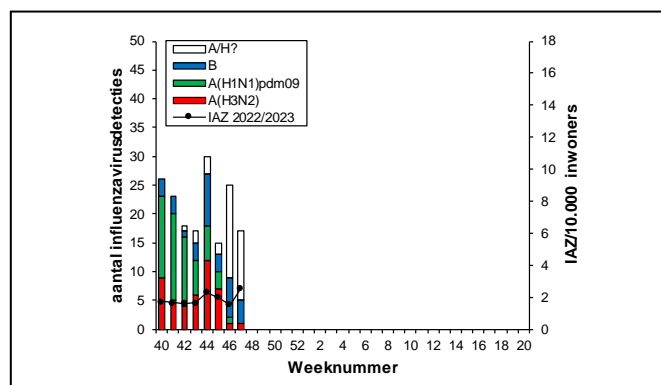


Fig. 4. Aantallen getypeerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria opgestuurde influenzavirus positieve monsters (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). Door het insturen van een selectie van influenzavirus positieve monsters is kwantitatieve interpretatie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

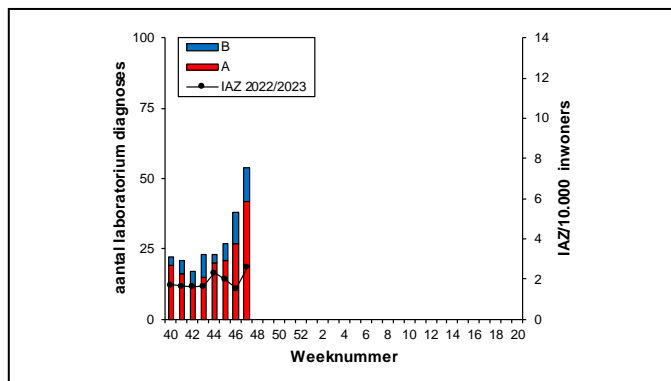


Fig. 5. Aantallen diagnoses van influenzavirus infecties gerapporteerd door de diagnostische laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie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

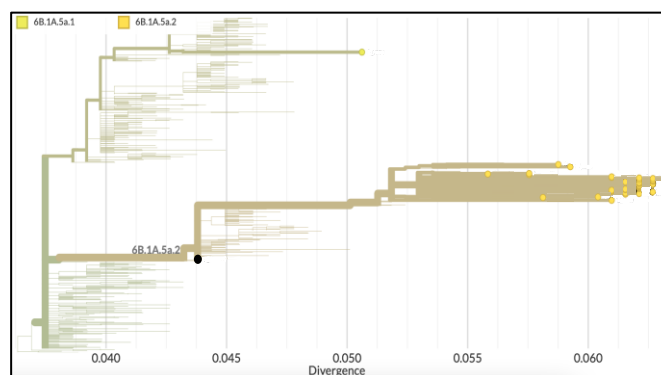


Fig. 6. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H1N1)pdm virussen. De stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 weer en de zwarte stip is de huidige vaccinstam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. De Nederlandse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

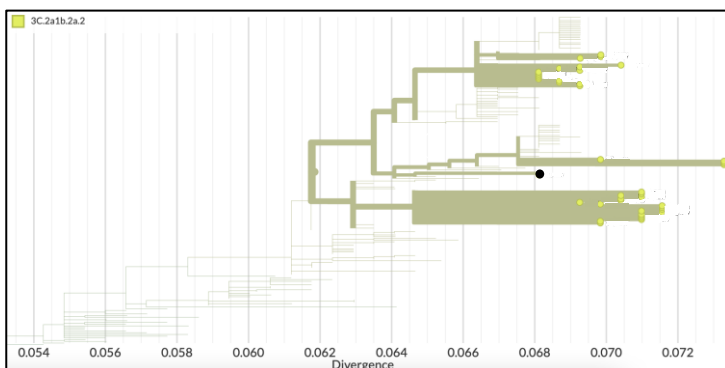


Fig. 7. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 weer en de zwarte stip is de vaccinstam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. De Nederlandse A(H3N2)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

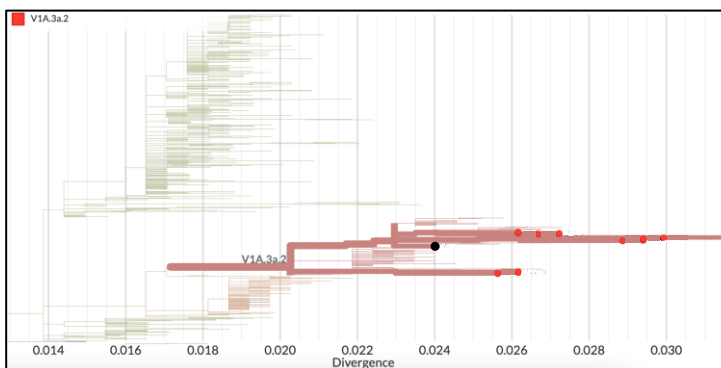


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De stippen geven recente Nederlandse virussen sinds week 40 weer en de zwarte stip is de vaccinstam. Clades zijn weergegeven in kleuren en dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. De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

Anmelden 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