

# De griep epidemie seizoen 2024/2025 lijkt begonnen

## Nieuwsbrief influenza surveillance 2024-2025

### Epidemiologische influenzasituatie in Nederland

In week 3 van 2025 rapporteerden de huisartsen van de Nivel peilstations 58 patiënten met influenza-achtig ziektebeeld (IAZ) per 100.000 inwoners (figuur 1). Dit is een toename ten opzichte van de 52 op de 100.000 inwoners van voorgaande week (Bron: [Nivel](#)). De stijging in incidentie IAZ is met name zichtbaar in kinderen van 5-14 jaar (figuur 2). Het is voor het eerst dit seizoen dat de IAZ-activiteit in de huisartsenpraktijk boven de grenswaarde van 53 patiënten per 100.000 inwoners voor verhoogde activiteit ligt. In Nederland spreken we van een griep epidemie als in twee opeenvolgende weken de IAZ-activiteit boven de grenswaarde ligt en er bij een substantieel aantal van de patiënten uit diverse bronnen een influenzavirus is gevonden (Bron: [Nivel](#)). Het percentage influenzavirus-positieve monsters van zowel huisartspatiënten met een IAZ, als deelnemers aan Infectieradar met luchtwegklachten, en de aantallen influenzavirusdetecties in diagnostieklaboratoria (virologische weekstaten) liggen nu op waarden die doorgaans gezien worden aan het begin van een epidemie. Op basis van de stijging van de IAZ-incidentie en de toename van het aantal griepvirusdetecties lijkt de griep epidemie begonnen. Er worden zowel influenza A als B virussen gedecteerd, waarbij influenza A(H1N1)pdm09 en influenza A(H3N2) virussen het meest prevalent zijn. Ook respiratoir syncytieel virus, humaan metapneumovirus, rhinovirus, seizoenscoronavirussen, en parainfluenzavirussen zorgen nog voor luchtweginfecties. (Bron: [RIVM](#)).

### Influenzavirusdetecties

In de monsters afgenomen door peilstationhuisartsen in week 3 van 2025 werd bij 56 patiënten met een IAZ 38 keer (68%) influenzavirus gevonden. In 19 monsters van patiënten met een andere acute respiratoire infectie (ARI) werd 5 keer (26%) influenzavirus gevonden. Zie onderstaande tabel en figuur 3. Sinds week 40 in 2024 is in de 704 door peilstations ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of andere ARI 66 keer A(H1N1)pdm09 virus, 53 keer influenza A(H3N2) virus, en 17 keer influenza B virus van de Victoria-lijn aangetoond. Van 5 influenza A virussen kon het subtype niet worden vastgesteld vanwege lage hoeveelheid virus in het monster. In oktober werd in één peilstationmonster B/Yamagata influenzavirus RNA gedetecteerd.

Virus	IAZ (N=56)	Andere ARI (N=19)
Influenza A(H1N1)pdm09	16 (28.6%)	3 (15.8%)
Influenza A(H3N2)	14 (25%)	1 (5.3%)
Influenza A (subtype onbekend)	1 (1.8%)	1 (5.3%)
Influenza B virus, Victoria-lijn	7 (12.5%)	0 (0%)
Respiratoir syncytieel virus	6 (10.7%)	3 (15.8%)
Humaan metapneumovirus	2 (3.6%)	1 (5.3%)
Enterovirus	0 (0%)	0 (0%)
Rhinovirus	5 (8.9%)	2 (10.5%)
Seizoenscoronavirussen	2 (3.6%)	2 (10.5%)
SARS-CoV-2	0 (0%)	0 (0%)
Parainfluenzavirussen	1 (1.8%)	0 (0%)
Adenovirus	0 (0%)	0 (0%)

Sinds week 40 werden in de virologische weekstaten 3460 infecties met influenzavirus gerapporteerd, waarvan 3239 (94%) met influenza A en 221 (6%) met influenza B virus (figuur 5). Door de diagnostieklaboratoria (deels overlappend met de weekstaten) werden 621 (89%) influenza A virus positieve en 78 (11%) influenza B virus positieve monsters ingestuurd naar het Nationaal Influenza Centrum. Van de 322 gesubtypeerde influenza A virussen waren dit 219 (68%) influenza A(H1N1)pdm09 en 103 (32%) A(H3N2) virussen, terwijl er 299 (nog) niet werden gesubtypeerd (figuur 4). De 27 gekarakteriseerde influenza B virussen behoren allen tot de Victoria-lijn. Van 51 influenza B virussen is de genetische lijn (nog) niet bepaald. In Infectieradar werden sinds week 40 92 influenzavirussen gevonden, 85 keer influenza A virus, waarvan 53 keer (62%) A(H1N1)pdm09 virus en 32 keer A(H3N2) virus (38%). Van de zeven influenza B virussen behoorden drie virussen tot de Victoria-lijn, van vier anderen kan de genetische lijn niet bepaald worden vanwege lage hoeveelheid virus in het monster (figuur 6).

### Viruskarakterisering seizoen 2024-2025

Vanaf week 40 in 2024 werden dit seizoen 362 influenzavirussen uit de peilstations, diagnostiek laboratoria en Infectieradar door middel van sequencing genetisch gekarakteriseerd en via [GISAID](#) gedeeld. Het merendeel, 217 van de totaal 226, Nederlandse influenza A(H1N1)pdm09 virussen behoren tot clade 5a.2a subclade C.1.9. Negen virussen behoren tot clade 5a.2a.1 subclade D (figuur 7) waarvan acht tot subclade D.3. De 113 Nederlandse A(H3N2) virussen vallen allen in clade 2a.3a.1. Hiervan behoren 110 tot subclade J.2, waarvan 10 tot subclade J.2.1 en 12 tot J.2.2. Twee A(H3N2) virussen vallen in subclade J.1.1 en een enkel virus in subclade J.4. De 23 influenza B virussen met sequentie-data behoren allen tot de Victoria-lijn clade V1A.3a.2, waarvan er respectievelijk 11 (vier uit Curacao), vijf, en zeven in subclades C.5.1, C.5.6 en C.5.7 vallen. De antigene eigenschappen van een eerste subset van de Nederlandse A(H1N1)pdm09 virussen en influenza B virussen werd in kaart gebracht met frettersera. Antisera opgewekt tegen de vaccin-componenten voor dit seizoen reageerden goed met de tot dusver geteste virussen. De analyse van de antigene eigenschappen van de eerste A(H3N2) virussen van dit seizoen loopt nog.

### De huidige situatie in Europa

In Europa blijft de influenza-activiteit toenemen in zowel de eerste als tweedelijns zorg. Het aantal ziekenhuisopnames als gevolg van influenza bevindt zich momenteel op vergelijkbare niveaus als tijdens de epidemische piek van het influenzaseizoen in 2022/23, wat toen aanzienlijke druk op de zorgsystemen legde en de ziekenhuiscapaciteit in verschillende Europese landen onder druk zette. (Bron: [WHO en ECDC](#)).

Grafieken Nivel, EMC en RIVM

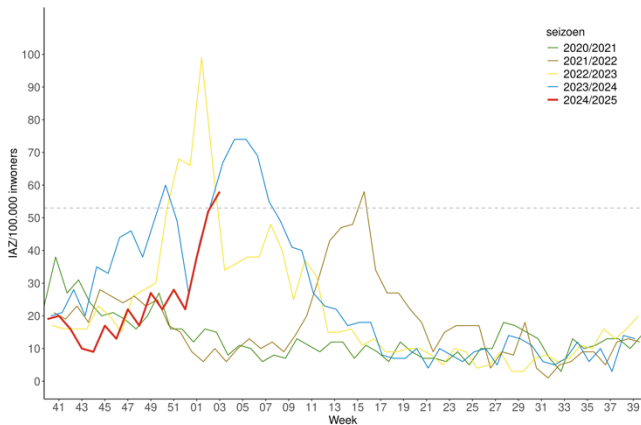


Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ in 2020-2025 per week en per 100.000 inwoners. De stippellijn geeft de drempel voor verhoogde activiteit weer (bron: Nivel).

Grafieken Nivel, EMC en RIVM

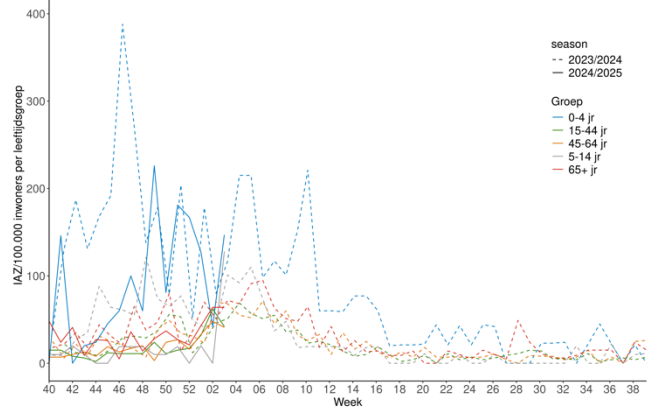


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ in 2024/2025 en 2023/2024 per week en per 100.000 inwoners, weergegeven per leeftijdsgroep (bron: Nivel).

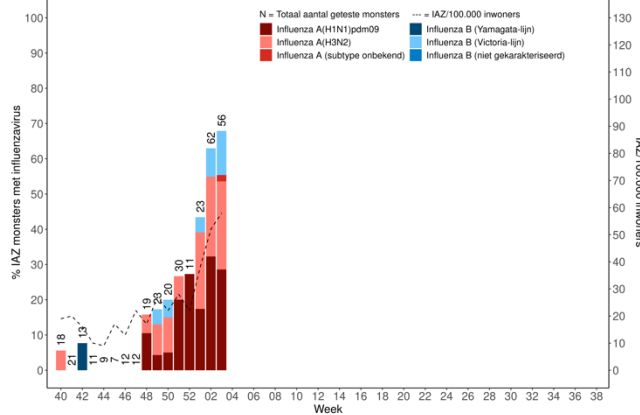


Fig. 3. Percentage monsters van huisartspatiënten met een IAZ waarin influenzavirus werd aangetroffen (y-as links), met het totaal aantal geteste monsters numeriek weergegeven per week van monsterafname. De incidentie van IAZ per week en per 100.000 inwoners is weergegeven als stippellijn (y-as rechts) (bron: RIVM en Nivel).

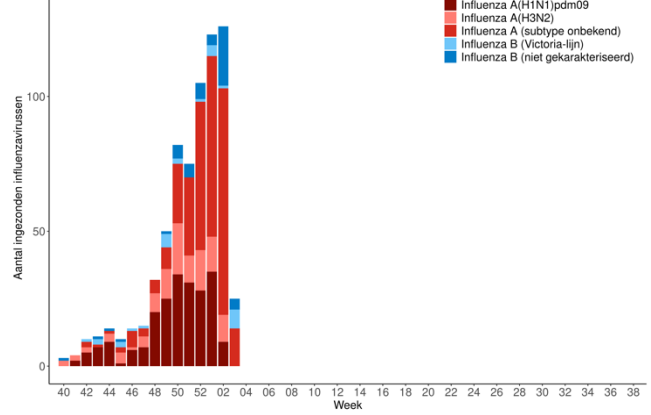


Fig. 4. Aantallen getypeerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria opgestuurde influenzavirus positieve monsters per week van monsterafname. Door het insturen van een selectie van influenzavirus positieve monsters is kwantitatieve interpretatie niet mogelijk en lopen typeringen enigszins achter (bron: EMC, RIVM).

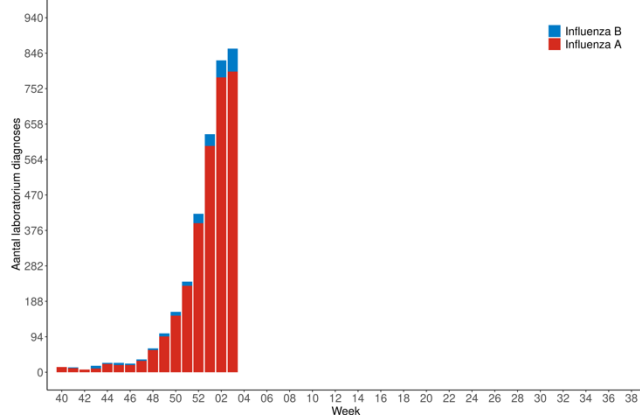


Fig. 5. Aantallen diagnoses van influenzavirusinfecties gerapporteerd door de diagnostiek laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten per week van diagnose. De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie nog niet alle laboratoria hun data hebben gerapporteerd (bron: virologische weekstaten).

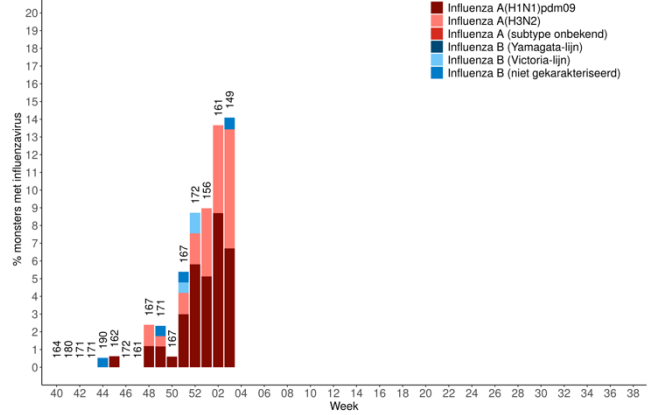


Fig. 6. Percentage monsters, afgenomen bij deelnemers aan de Infectieradar met klachten passend bij een acute luchtweginfectie, waarin influenzavirus werd aangetroffen per week van monsterafname. Het totaal aantal geteste monsters is numeriek weergegeven per week (bron: Infectieradar RIVM).

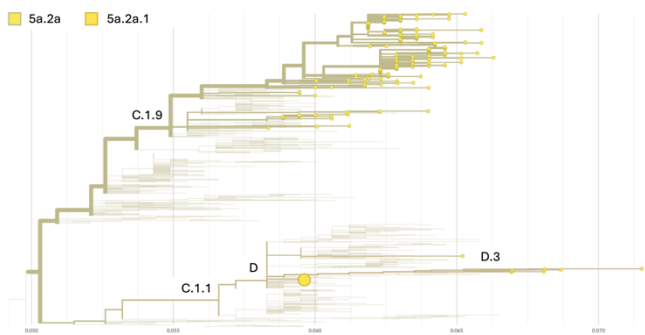
**Stambomen**

Fig. 7. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H1N1)pdm09 virussen. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse A(H1N1)pdm09 virussen van 2024/2025 vallen in clade 5a.2a. Bron: Nextstrain, met dank aan GISAID.

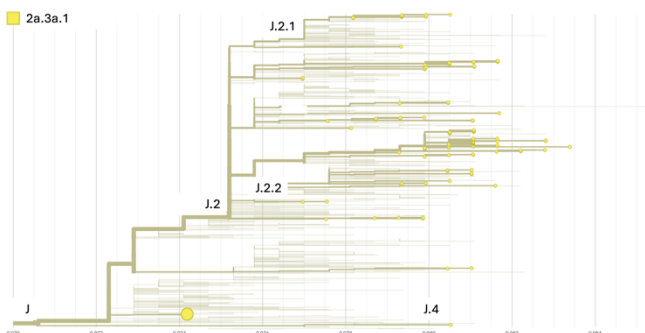


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse A(H3N2) virussen van 2024/2025 vallen in clade 2a.3a.1. Bron: Nextstrain, met dank aan GISAID.

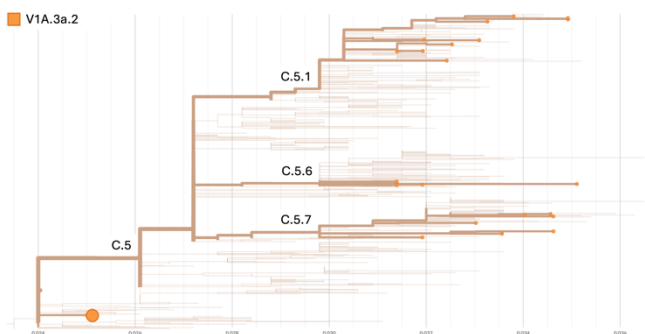


Fig. 9. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse B virussen van 2024/2025 vallen in clade V1A.3a.2. Bron: Nextstrain, met dank aan GISAID.

**Samenstelling van het influenzavaccin voor 2024/2025**

- A/Victoria/4897/2022-achtig A(H1N1)pdm09 virus;
  - A/Thailand/8/2022-achtig A(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.

**Colofon**

Deze Nieuwsbrief komt tot stand door samenwerking van de volgende instanties en personen:

**Nivel, Utrecht ([Link naar informatie over griep van Nivel](#))**

Dr. Mariëtte Hooiveld

Dr. Valérie Sankatsing

Dr. Jojanneke van Summeren

**Erasmus MC, Rotterdam**

Prof. dr. Marion Koopmans, directeur Nationaal Influenza Centrum

Prof. dr. Ron Fouchier

Dr. Björn Koel

**RIVM, Bilthoven ([Link naar informatie over griep van RIVM](#))**

Dr. Adam Meijer

Dr. Dirk Eggink

Dr. Marit de Lange

Dr. Anne Teirlinck

Drs. Maxime Hartwig

Drs. Jasper van den Brink

Drs. Eline in 't Velt

Dr. Rianne van Gageldonk-Lafeber

**Redactiesecretariaat:**

Maria Silva, Nationaal Influenza Centrum

Marjolijn Bechthold-Hoogstad, Nationaal Influenza Centrum

Aanmelden voor de Nieuwsbrief: [nic@erasmusmc.nl](mailto:nic@erasmusmc.nl)

**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. Wij danken de Nederlandse Werkgroep voor Klinische Virologie en de betrokken laboratoria voor het beschikbaar stellen van influenzavirus detectie data uit de virologische weekstaten. Wij danken huisartsen en patiënten van de peilstations en het team van Nivel Zorgregistraties Eerste Lijn voor hun bijdrage aan de respiratoire surveillance.

**De Nieuwsbrief ook op Internet:**

<https://www.erasmusmc.nl/nl-nl/link-pages/influenza-surveillance-nieuwsbrief>