

Jaarlijkse griep epidemie officieel begonnen

Nieuwsbrief influenza surveillance 2024-2025

Epidemiologische influenzasituatie in Nederland

In week 4 van 2025 rapporteerden de huisartsen van de Nivel peilstations 76 patiënten met influenza-achtig ziektebeeld (IAZ) per 100.000 inwoners (figuur 1, bron: [Nivel](#)). Deze week is de tweede opeenvolgende week van dit seizoen waarin de IAZ-activiteit in huisartsenpraktijken boven de grenswaarde voor verhoogde activiteit ligt. Evenals voorgaande weken werd in week 4 een hoog percentage griepvirussen gedetecteerd in monsters van huisartspatiënten met IAZ en deelnemers aan Infectieradar met luchtwegklachten en werd door diagnostieklaboratoria (virologische weekstaten) een groot aantal influenzavirusdetecties gerapporteerd, wat bevestigt dat het griepvirus momenteel wijdverspreid is. Experts van het Nivel, Erasmus MC en het RIVM spreken daarom nu formeel van een griep epidemie, die begon in week 3 (13 – 19 januari). Er werden voornamelijk influenza A(H1N1)pdm09 en influenza A(H3N2) virussen gedetecteerd. Influenza B virussen van de Victoria-lijn circuleren wel in Nederland, maar op het moment in mindere mate dan influenza A virussen. Naast het griepvirus gaan er meer virussen rond zoals respiratoir syncytieel virus, seizoenscoronavirussen en rhinovirussen. SARS-CoV-2 komt in Nederland momenteel weinig voor (Bron: [RIVM](#)).

Influenzavirusdetecties

In de monsters afgenomen door peilstationhuisartsen in week 4 van 2025 werd bij 65 patiënten met een IAZ 37 keer (57%) influenzavirus gevonden. In 25 monsters van patiënten met een andere acute respiratoire infectie (ARI) werd 8 keer (32%) influenzavirus gevonden. Zie onderstaande tabel en figuur 3. Sinds week 40 in 2024 is in de 799 door peilstations ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of andere ARI 91 keer A(H1N1)pdm09 virus, 74 keer influenza A(H3N2) virus, en 21 keer influenza B virus van de Victoria-lijn aangetoond. Van 6 influenza A virussen kon het subtype niet worden vastgesteld vanwege lage hoeveelheid virus in het monster.

Virus	IAZ (N=65)	Andere ARI (N=25)
Influenza A(H1N1)pdm09	18 (27.7%)	4 (16%)
Influenza A(H3N2)	17 (26.2%)	3 (12%)
Influenza A (subtype onbekend)	0 (0%)	1 (4%)
Influenza B (Victoria-lijn)	3 (4.6%)	1 (4%)
Respiratoir syncytieel virus	8 (12.3%)	8 (32%)
Humaan metapneumovirus	1 (1.5%)	1 (4%)
Enterovirus	0 (0%)	0 (0%)
Rhinovirus	4 (6.2%)	0 (0%)
Seizoenscoronavirussen	8 (12.3%)	3 (12%)
SARS-CoV-2	1 (1.5%)	0 (0%)
Parainfluenzavirussen	1 (1.5%)	0 (0%)
Adenovirus	1 (1.5%)	0 (0%)

Sinds week 40 werden in de virologische weekstaten 4775 infecties met influenzavirus gerapporteerd, waarvan 4481 (94%) met influenza A en 294 (6%) met influenza B virus (figuur 5). Door

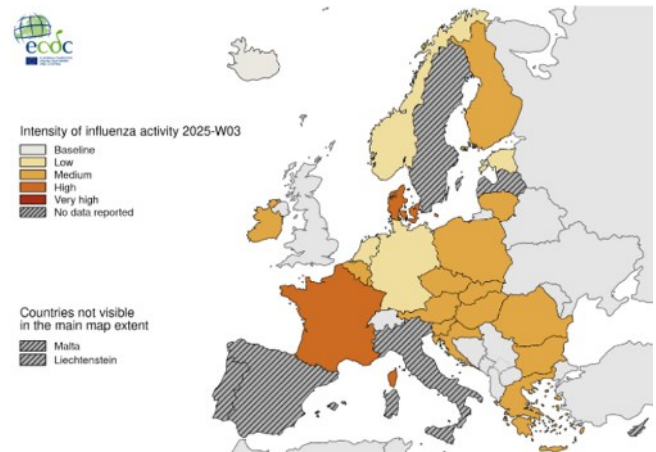
de diagnostieklaboratoria (deels overlappend met de weekstaten) werden 730 (88%) influenza A virus positieve en 97 (12%) influenza B virus positieve monsters ingestuurd naar het Nationaal Influenza Centrum. Van de 381 gesubtypeerde influenza A virussen waren dit 260 (68%) influenza A(H1N1)pdm09 en 121 (32%) A(H3N2) virussen, terwijl er 349 (nog) niet werden gesubtypeerd (figuur 4). De 28 gekarakteriseerde influenza B virussen behoren allen tot de Victoria-lijn. Van 69 influenza B virussen is de genetische lijn (nog) niet bepaald. In Infectieradar werden sinds week 40 132 influenzavirussen gevonden, 116 keer influenza A virus, waarvan 72 keer (62%) A(H1N1)pdm09 virus en 44 keer A(H3N2) virus (38%). Van de 16 influenza B virussen behoorden acht virussen tot de Victoria-lijn, van acht anderen is de genetische lijn (nog) niet bepaald (figuur 6).

Viruskarakterisering seizoen 2024-2025

Vanaf week 40 in 2024 werden dit seizoen 469 influenzavirussen uit de peilstations, diagnostiek laboratoria en Infectieradar door middel van sequencing genetisch gekarakteriseerd en via [GISAIID](#) gedeeld. Van de totaal 279 Nederlandse influenza A(H1N1)pdm09 virussen behoren er 266 tot clade 5a.2a subclade C.1.9 (13 C.1.9.1, 219 C.1.9.3, en 6 C.1.9.4) terwijl er 13 tot clade 5a.2a.1 van subclade D behoren (figuur 7). De 158 Nederlandse A(H3N2) virussen vallen allen in clade 2a.3a.1. Hiervan behoren er 154 tot subclade J.2, drie tot J.1.1 en een enkel virus in subclade J.4. De 32 influenza B virussen met sequentie-data behoren allen tot de Victoria-lijn clade V1A.3a.2, waarvan er respectievelijk 16 (vier uit Curacao), zes, en 10 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, A(H3N2) 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 huidige situatie in Europa

In Europa is de influenza activiteit in de meeste over week 3 rapporterende landen matig tot hoog (Bron: [WHO en ECDC](#)).



Grafieken Nivel, EMC en RIVM

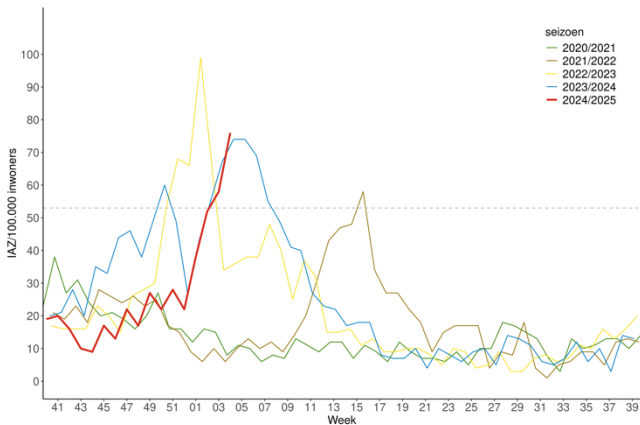


Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ in 2020-2025 per week en per 100.000 inwoners. De stippelijijn geeft de drempel voor verhoogde activiteit weer (bron: Nivel).

Grafieken Nivel, EMC en RIVM

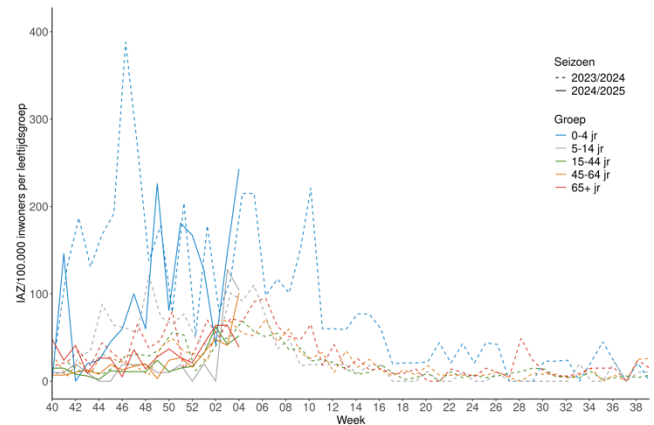


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ in 2024/2025 en 2023/2024 per week en per 100.000 inwoners, weergegeven per leeftijdsgroep (bron: Nivel).

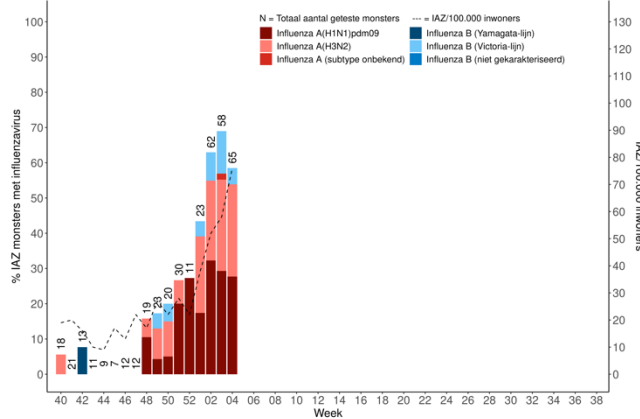


Fig. 3. Percentage monsters van huisartspatiënten met een IAZ waarin influenzavirus werd aangetroffen (y-as links), met het totaal aantal geteste monsters numeriek weergegeven per week van monsterafname. De incidentie van IAZ per week en per 100.000 inwoners is weergegeven als stippelijijn (y-as rechts)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

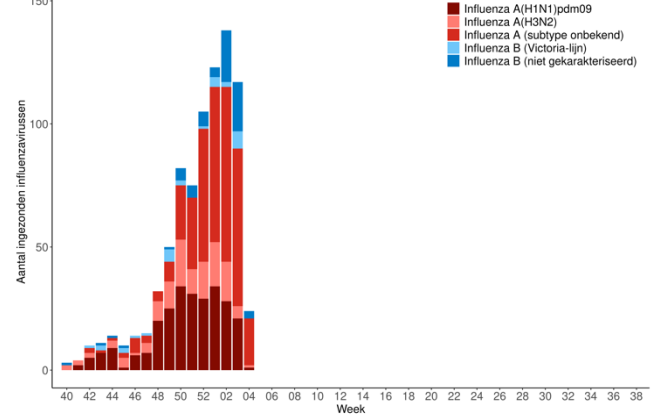


Fig. 4. Aantallen getypeerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria opgestuurde influenzavirus positieve monsters per week van monsterafname. Door het insturen van een selectie van influenzavirus positieve monsters is kwantitatieve interpretatie niet mogelijk en lopen typeringen enigszins achter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

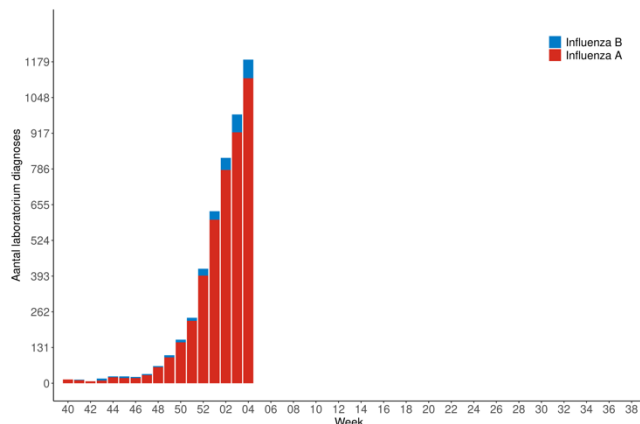


Fig. 5. Aantallen diagnoses van influenzavirusinfecties gerapporteerd door de diagnostiek laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten per week van diagnose. De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie nog niet alle laboratoria hun data hebben gerapporteerd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

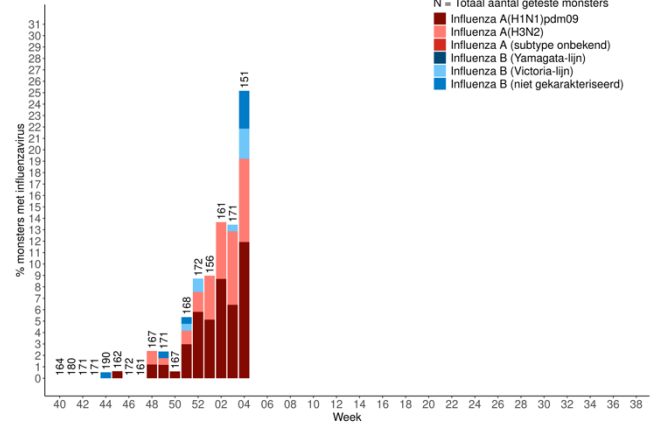


Fig. 6. Percentage monsters, afgenomen bij deelnemers aan de Infectieradar met klachten passend bij een acute luchtweginfectie, waarin influenzavirus werd aangetroffen per week van monsterafname. Het totaal aantal geteste monsters is numeriek weergegeven per week (bron: Infectieradar RIVM).

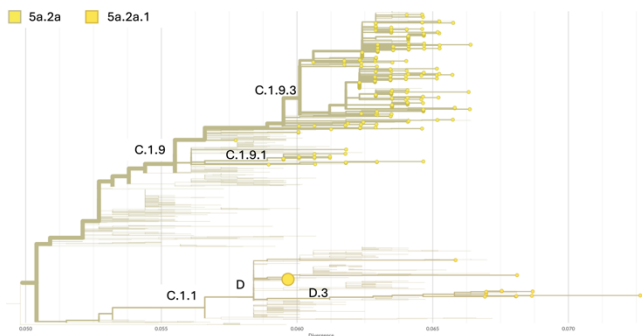
Stambomen

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.

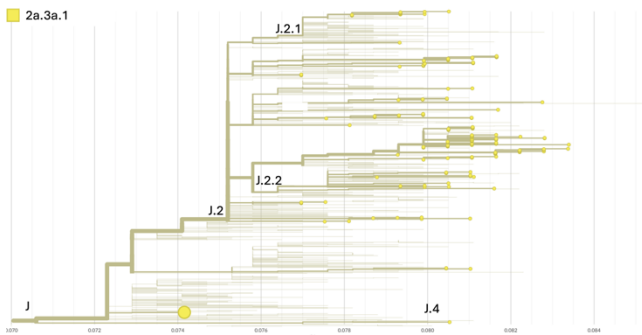


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse A(H3N2)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

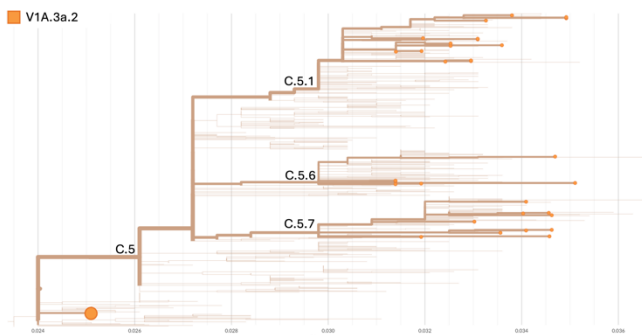


Fig. 9. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse 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

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>