

Griepidemie nog niet voorbij

Nieuwsbrief influenza surveillance 2024-2025

Epidemiologische influenzasituatie in Nederland

In week 10 van 2025 rapporteerden de huisartsen van de Nivel peilstations 37 patiënten met influenza-achtig ziektebeeld (IAZ) per 100.000 inwoners (figuur 1, bron: [Nivel](#)). Dit ligt onder de drempel voor verhoogde IAZ-activiteit van 53 per 100.000 inwoners in de huisartsenpraktijk ([Nivel](#)). Toch worden nog steeds vaak influenzavirussen gedetecteerd in diagnostiek laboratoria, in monsters ingestuurd door peilstations, en in infectieradar. Het aantal mensen met griep neemt af, maar de griepidemie is nog niet voorbij. Het is de achtste achtereenvolgende week dat Nederland met een griepidemie te maken heeft. Naast het griepvirus werden ook andere respiratoire virussen gedetecteerd, namelijk respiratoir syncytieel virus, seizoenscoronavirus, en adenovirus (Bron: [RIVM](#)).

Influenzavirusdetecties

In de monsters afgenomen door peilstationhuisartsen in week 10 van 2025 werd bij 22 patiënten met een IAZ 15 keer (68%) influenzavirus gevonden. In 6 monsters van patiënten met een acute respiratoire infectie (ARI) werd 3 keer (50%) influenzavirus gevonden. Zie onderstaande tabel en figuur 3. Sinds week 40 in 2024 is in de 1211 door peilstations ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of andere ARI 163 keer A(H1N1)pdm09 virus, 203 keer influenza A(H3N2) virus, en 68 keer influenza B virus van de Victoria-lijn aangetoond. Van 10 influenza A virussen kon het subtype niet worden vastgesteld vanwege de lage hoeveelheid virus in het monster.

Virus	IAZ (N=22)	Andere ARI (N=6)
Influenza A(H1N1)pdm09	3 (13.6%)	1 (16.7%)
Influenza A(H3N2)	6 (27.3%)	1 (16.7%)
Influenza A (subtype onbekend)	1 (4.5%)	0 (0%)
Influenza B (Victoria-lijn)	5 (22.7%)	1 (16.7%)
Respiratoir syncytieel virus	0 (0%)	1 (16.7%)
Humaan metapneumovirus	0 (0%)	0 (0%)
Enterovirus	0 (0%)	0 (0%)
Rhinovirus	0 (0%)	0 (0%)
Seizoenscoronavirussen	1 (4.5%)	0 (0%)
SARS-CoV-2	0 (0%)	0 (0%)
Parainfluenzavirussen	0 (0%)	0 (0%)
Adenovirus	2 (9.1%)	0 (0%)

Sinds week 40 in 2024 werden in de virologische weekstaten 14.184 infecties met influenzavirus gerapporteerd, waarvan 12.673 (89%) met influenza A en 1511 (11%) met influenza B virus (figuur 5). Door de diagnostieklaboratoria (deels overlappend met de weekstaten) werden 1512 (80%) influenza A virus positieve en 371 (20%) influenza B virus positieve monsters ingestuurd naar het Nationaal Influenza Centrum. Van de 761 gesubtypeerde influenza A virussen waren dit 470 (62%) influenza A(H1N1)pdm09 en 291 (38%) A(H3N2) virussen, terwijl

er 751 (nog) niet werden gesubtypeerd (figuur 4). De 226 gekarakteriseerde influenza B virussen behoren allen tot de Victoria-lijn. Van 145 influenza B virussen is de genetische lijn (nog) niet bepaald. In Infectieradar werden sinds week 40 in 2024 345 influenzavirussen gevonden, 292 keer influenza A virus, waarvan 135 keer (46%) A(H1N1)pdm09 virus en 156 keer A(H3N2) virus (54%). Van de 53 influenza B virussen behoorden 46 virussen tot de Victoria-lijn, van 7 anderen is de genetische lijn (nog) niet bepaald (figuur 6).

Viruskarakterisering seizoen 2024-2025

Vanaf week 40 in 2024 werden dit seizoen 1290 influenzavirussen uit de peilstations, diagnostiek laboratoria en Infectieradar door middel van sequencing genetisch gekarakteriseerd en via [GISAI](#) gedeeld. Van de totaal 570 Nederlandse influenza A(H1N1)pdm09 virussen (3 uit Bonaire, 2 uit Sint Maarten behoren er 515 tot clade 5a.2a subclade C.1.9 (waarvan 51 in C.1.9, 40 C.1.9.1, 417 C.1.9.3, en 7 C.1.9.4) terwijl er 55 tot subclade D (waarvan 2 in D, 2 in D.1, 50 in D.3, en 1 in D.5) van clade 5a.2a.1 behoren (figuur 7). De 532 Nederlandse A(H3N2) virussen (3 uit Bonaire) vallen allen in clade 2a.3a.1. Hiervan behoren er 521 tot subclade J.2 (waarvan 430 tot J.2, 23 tot J.2.1 en 68 tot J.2.2), 10 tot J.1.1 en een enkel virus in subclade J.4. Het aandeel van de A(H3N2)-virus dubbelmutant met aminozuurveranderingen N158K + K189R, die leidt tot verminderde herkenning door antistoffen opgewekt na vaccinatie met de A(H3N2)-component van de griepvaccin, nam sinds de eerste detectie toe tot ongeveer 25%, maar lijkt voor nu niet verder in aandeel toe te nemen. De 188 influenza B virussen (4 uit Curaçao) met sequentie-data behoren allen tot de Victoria-lijn clade V1A.3a.2, waarvan er respectievelijk 112, 34, en 42 in subclades C.5.1, C.5.6 en C.5.7 vallen.

Aanbeveling vaccinsamenstelling seizoen 2025/2026

Recent is in Geneve de WHO vergadering gehouden om de vaccincompositie voor het noordelijk halfrond voor seizoen 2025/2026 vast te stellen. Influenza A(H1N1)pdm09 virussen en influenza B virussen van de Victoria-lijn kwamen qua antigene eigenschappen goed overeen met de vaccin-componenten van het huidige seizoen. Daarom werd voor deze virussen geen update voorgesteld. Er circuleren wereldwijd simultaan meerdere antigeen verschillende A(H3N2) virus varianten, waaronder ook de N158K + K189R dubbelmutant in Nederland. Antisera gericht tegen de vaccinstam die werd aanbevolen voor het 2025 griepseizoen voor het Zuidelijk halfrond herkenden de meerderheid van de circulerende virussen goed. Deze vaccinstam wordt daarom ook aanbevolen voor het 2025/2026 Noordelijk halfrond seizoen. De aanbeveling komt daarmee op:

- A/Victoria/4897/2022-achtig A(H1N1)pdm09 virus;
- A/Croatia/10136RV/2023-achtig A(H3N2) virus;
- B/Austria/1359417/2021-achtig virus (B/Victoria/2/87 lijn);

In Nederland volgt het Nationaal Programma Grieppreventie in de regel dit WHO-advies voor trivalent vaccin.

Grafieken Nivel, EMC en RIVM

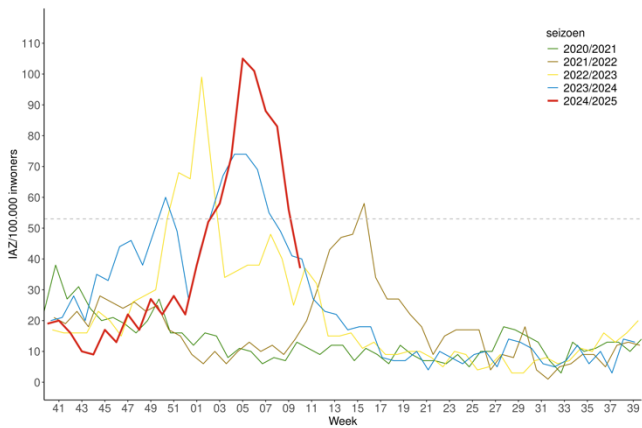


Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ in 2020-2025 per week en per 100.000 inwoners. De stippelijijn geeft de drempel voor verhoogde activiteit weer (bron: Nivel).

Grafieken Nivel, EMC en RIVM

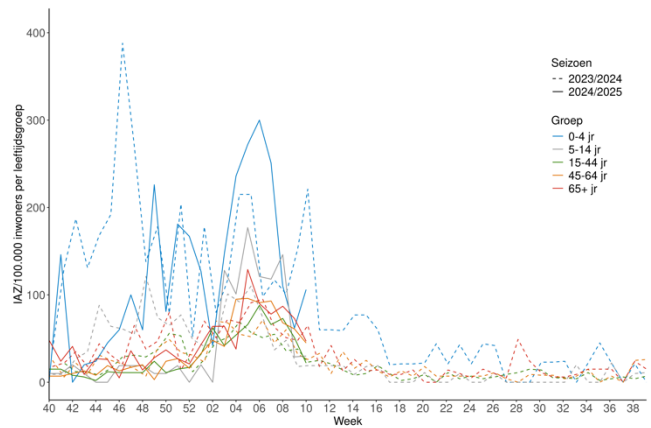


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ in 2024/2025 en 2023/2024 per week en per 100.000 inwoners, weergegeven per leeftijdsgroep (bron: Nivel).

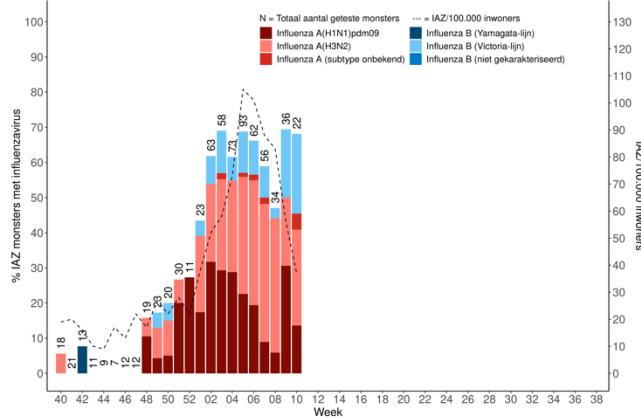


Fig. 3. Percentage monsters van huisartspatiënten met een IAZ waarin influenzavirus werd aangetroffen (y-as links), met het totaal aantal geteste monsters numeriek weergegeven per week van monsterafname. De incidentie van IAZ per week en per 100.000 inwoners is weergegeven als stippelijijn (y-as rechts)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

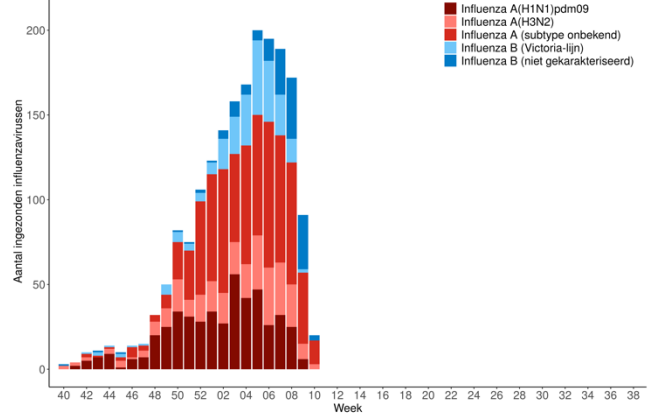


Fig. 4. Aantallen getypeerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria opgestuurde influenzavirus positieve monsters per week van monsterafname. Door het insturen van een selectie van influenzavirus positieve monsters is kwantitatieve interpretatie niet mogelijk en lopen typeringen enigszins achter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

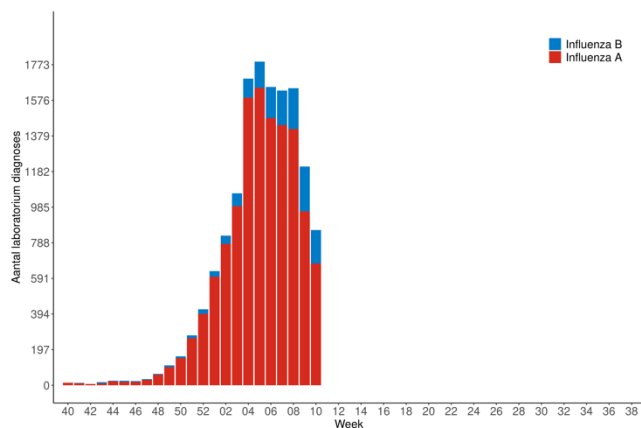


Fig. 5. Aantallen diagnoses van influenzavirusinfecties gerapporteerd door de diagnostiek laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten per week van diagnose. De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie nog niet alle laboratoria hun data hebben gerapporteerd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

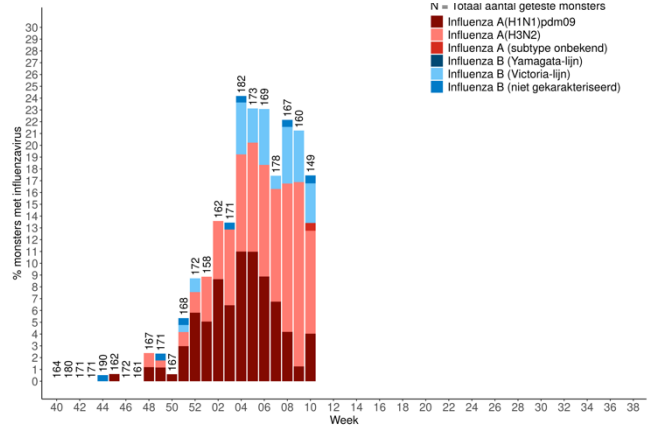


Fig. 6. Percentage monsters, afgenomen bij deelnemers aan de Infectieradar met klachten passend bij een acute luchtweginfectie, waarin influenzavirus werd aangetroffen per week van monsterafname. Het totaal aantal geteste monsters is numeriek weergegeven per week (bron: Infectieradar RIVM).

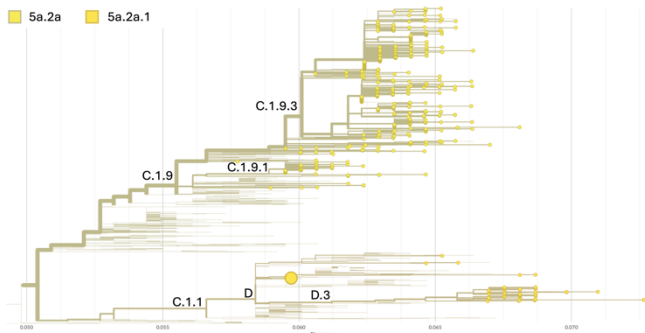
Stambomen

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.

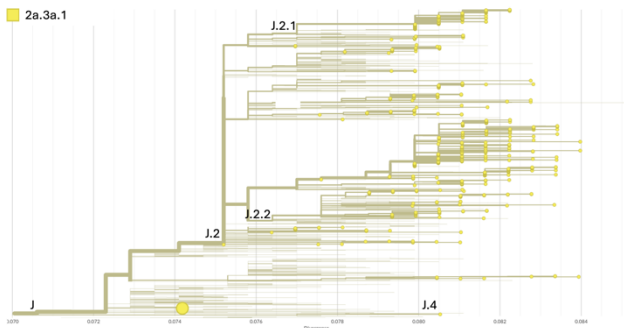


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse A(H3N2)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

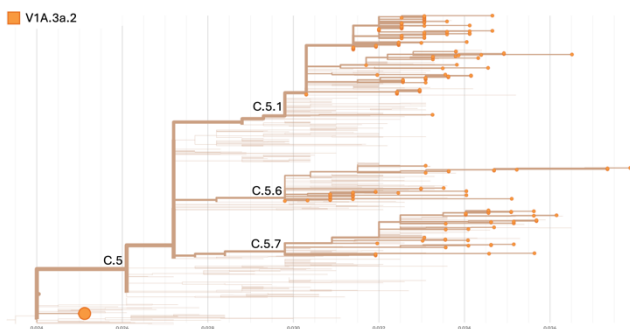


Fig. 9. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse 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. Marit de Lange
Drs. Maxime Hartwig
Drs. Eline in 't Velt

Dr. Dirk Eggink
Dr. Anne Teirlinck
Drs. Jasper van den Brink
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>