

# Nog steeds griep in Nederland

## Nieuwsbrief influenza surveillance 2025-2026

### Epidemiologische influenzasituatie in Nederland

In week 8 van 2026 rapporteerden de huisartsen van de Nivel peilstations 71 patiënten met influenza-achtig ziektebeeld (IAZ) per 100.000 inwoners (figuur 1, bron: [Nivel](#)). De week ervoor was dat 68 op de 100.000 inwoners. Ondank deze lichte stijging is er nog steeds sprake van [lage influenza intensiteit](#). Dit is de vierde week op rij boven de grenswaarde van 46 op de 100.000 inwoners voor verhoogde griepactiviteit. In monsters ingezonden door huisartsenpraktijken, diagnostieklaboratoria, en deelnemers aan [infectieradar](#) wordt nog vaak influenzavirus gevonden. Er is nog steeds sprake van een griepepidemie. Naast influenzavirus zorgen respiratoir syncytieel virus, humaan metapneumovirus, rhinovirus, en coronavirussen voor luchtweginfecties (Tabel 1. Bron: [RIVM](#)).

### Influenzavirusdetecties

In de monsters afgenomen door peilstationhuisartsen in week 8 van 2026 werd bij 37 patiënten met een IAZ 19 keer (51,4%) influenzavirus gevonden. In 22 monsters van patiënten met een andere acute respiratoire infectie (ARI) werd 7 keer (31,8%) influenzavirus gevonden. Zie Tabel 1 en figuur 3. Sinds week 40 in 2025 is in de 947 door peilstations ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of andere ARI 87 keer A(H1N1)pdm09 influenzavirus en 155 keer A(H3N2) influenzavirus aangetoond. Van 7 influenza A virussen kon het subtype niet worden vastgesteld vanwege de lage hoeveelheid virus in het monster. Er werden 2 influenza B virussen van de Victoria-lijn in deze monsters gevonden.

Tabel 1. Virologische uitslagen peilstationhuisartsen

Virus	IAZ (N=37)	Andere ARI (N=22)
Influenza A(H1N1)pdm09	3 (8.1%)	1 (4.5%)
Influenza A(H3N2)	15 (40.5%)	6 (27.3%)
Influenza A (subtype onbekend)	1 (2.7%)	0 (0%)
Influenza B (Victoria-lijn)	0 (0%)	0 (0%)
Respiratoir syncytieel virus	2 (5.4%)	1 (4.5%)
Humaan metapneumovirus	3 (8.1%)	3 (13.6%)
Enterovirus	0 (0%)	0 (0%)
Rhinovirus	1 (2.7%)	0 (0%)
Seizoenscoronavirussen	3 (8.1%)	3 (13.6%)
SARS-CoV-2	1 (2.7%)	0 (0%)
Parainfluenzavirussen	0 (0%)	0 (0%)
Adenovirus	0 (0%)	0 (0%)

Sinds week 40 in 2025 werden in de virologische weekstaten 9629 infecties met influenzavirus gerapporteerd, waarvan 9559 (99%) met influenza A en 70 (1%) met influenza B virus (figuur 5). Door de diagnostieklaboratoria (deels overlappend met de weekstaten) werden 1196 (99%) influenza A virus positieve en 17 (1%) influenza B virus positieve monsters ingestuurd naar het Nationaal Influenza Centrum. Van de 625 gesubtypeerde influenza A virussen waren dit 301 (48%) A(H1N1)pdm09 en 324 (52%) A(H3N2) influenzavirussen (figuur 4). Alle influenza B

virussen behoorden tot de Victoria-lijn. In Infectieradar werden sinds week 40 in 2025 174 influenza A virus infecties gevonden, waarvan 71 keer (41%) A(H1N1)pdm09 virus, 103 keer A(H3N2) virus (59%), en 2 influenza B virus infecties (figuur 6).

### Viruskarakterisering seizoen 2025-2026

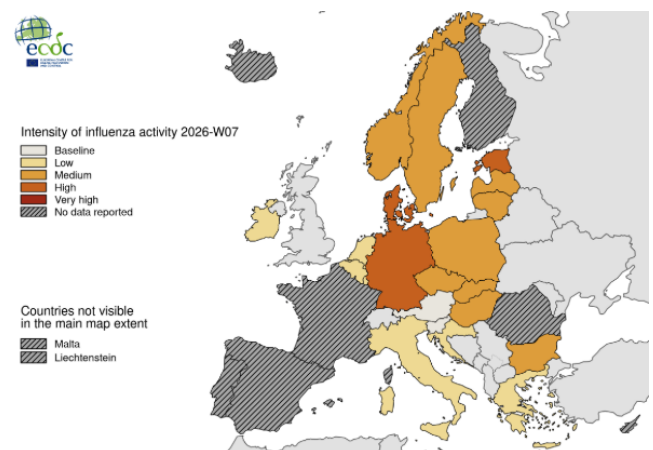
Vanaf week 40 in 2025 werden dit seizoen in totaal 912 A(H1N1)pdm09, A(H3N2) en influenza B virussen uit de peilstations, diagnostiek laboratoria en Infectieradar door middel van sequencing genetisch gekarakteriseerd en via [GISAID](#) gedeeld (Tabel 2 en figuren 7-9). Het merendeel van de genetisch gekarakteriseerde influenza virussen behoort tot A(H1N1)pdm09 subclade D.3.1.1 (41%) en A(H3N2) subclade K (49%).

Tabel 2. Influenza virus clade en subclade van Nederlandse virus sequenties gedeeld met GISAID vanaf week 40/2025

	clade	aantal sequenties	subclade	aantal sequenties
A(H1N1)pdm09	5a.2a	4	C.1.9.3	4
	5a.2a.1	421	D.3.1	40
			D.3.1.1	381
A(H3N2)	2a.3a.1	479	J.2	4
			J.2.2	3
			J.2.3	2
			J.2.4	28
			K	442
B (Victoria-lijn)	V1A.3a.2	8	C.5.1	2
			C.5.6	4
			C.5.6.1	1
			C.5.7	1

### De huidige situatie in Europa

Binnen Europa wijzen de meeste indicatoren voor week 7 van 2026 nog steeds op verhoogde en wijdverspreide influenza-activiteit, maar de intensiteit neemt de afgelopen weken over het algemeen af. Net als in Nederland circuleren in Europa vooral A(H1N1)pdm09 en A(H3N2) virussen ([erviss.org](#)).



Grafieken Nivel, EMC en RIVM

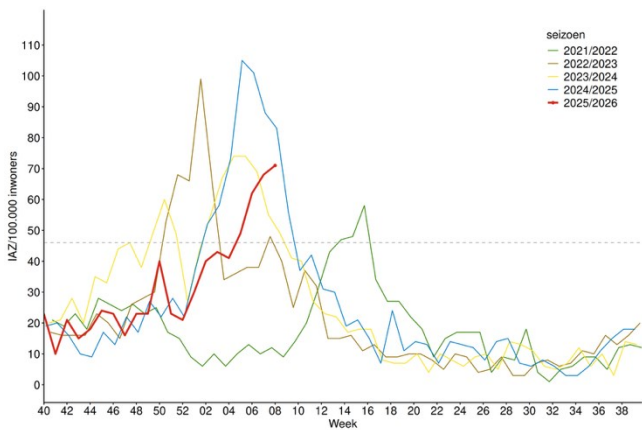


Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ in 2021-2026 per week en per 100.000 inwoners. De stippelijne geeft de drempel voor verhoogde activiteit in 2025/2026 weer (bron: Nivel).

Grafieken Nivel, EMC en RIVM

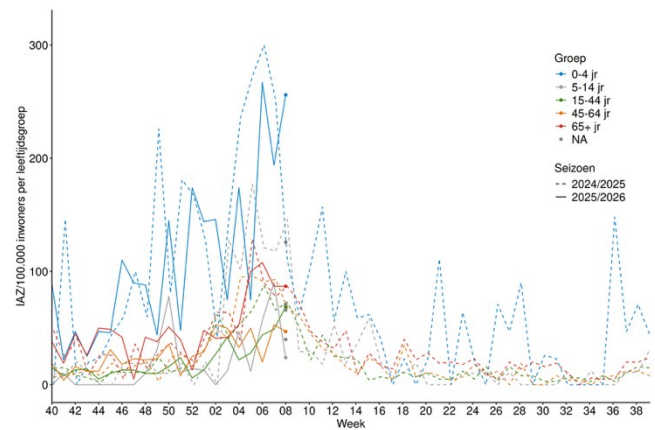


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ in 2024/2025 en 2025/2026 per week en per 100.000 inwoners, weergegeven per leeftijdsgroep (bron: Nivel).

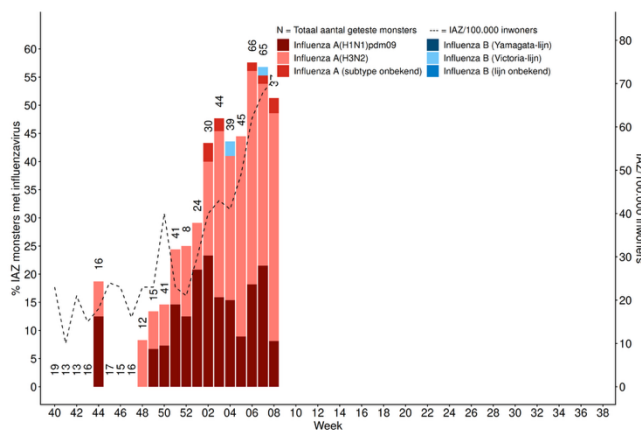


Fig. 3. Percentage monsters van huisartspatiënten met IAZ waarin influenzavirus werd aangetroffen (y-as links), met het totaal aantal geteste monsters numeriek weergegeven per week van monsterafname in 2025/2026. De incidentie van IAZ per week en per 100.000 inwoners is weergegeven als stippelijne (y-as rechts) (bron: RIVM en Nivel).

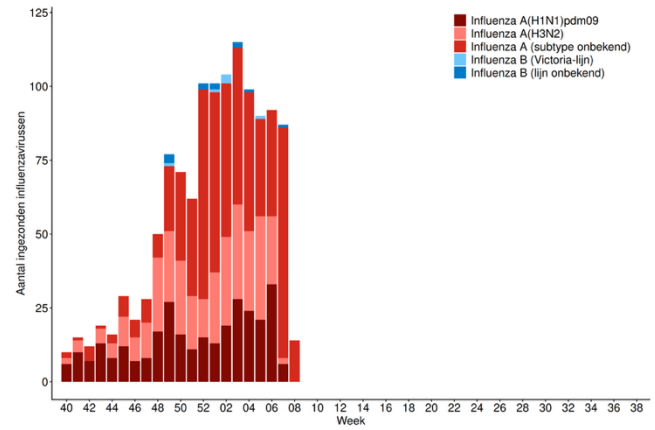


Fig. 4. Aantallen getypte virussen in vanuit diagnostische laboratoria opgestuurde influenzavirus positieve monsters per week van monsterafname in 2025/2026. Door het insturen van een selectie van influenzavirus positieve monsters is kwantitatieve interpretatie niet mogelijk en lopen typeringen enigszins achter (bron: EMC, RIVM).

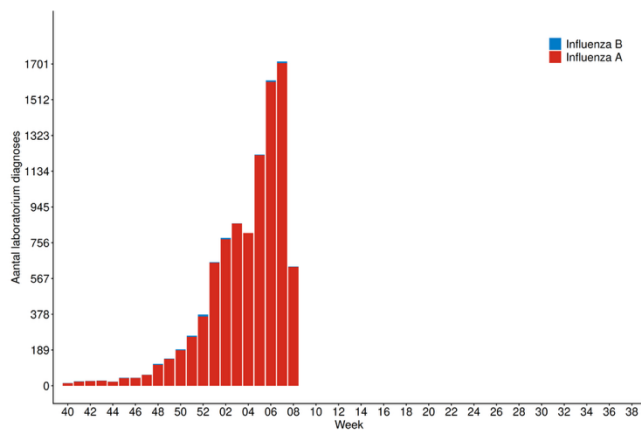


Fig. 5. Aantallen diagnoses van influenzavirusinfecties gerapporteerd door de diagnostiek laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten per week van diagnose in 2025/2026. De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie nog niet alle laboratoria hun data hebben gerapporteerd (bron: virologische weekstaten).

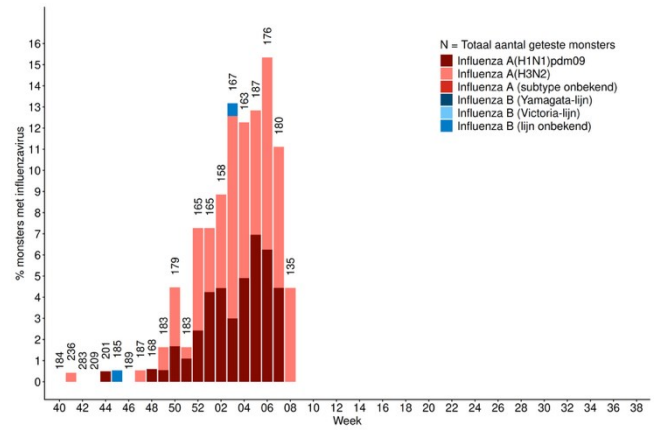


Fig. 6. Percentage monsters, afgenomen bij deelnemers aan de Infectieradar met klachten passend bij een acute luchtweginfectie, waarin influenzavirus werd aangetroffen per week van monsterafname in 2025/2026. Het totaal aantal geteste monsters is numeriek weergegeven per week (bron: Infectieradar RIVM).

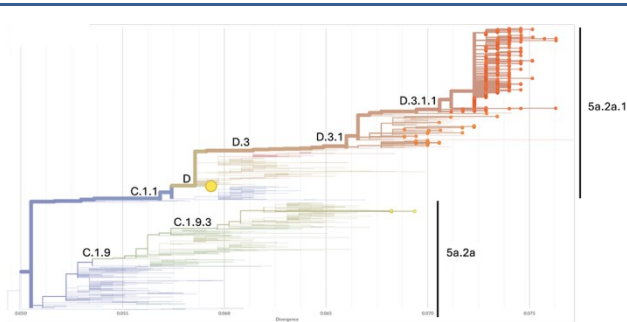
**Stambomen**

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. Subclades zijn weergegeven in kleuren. Bron: Nextstrain, met dank aan GISAID.

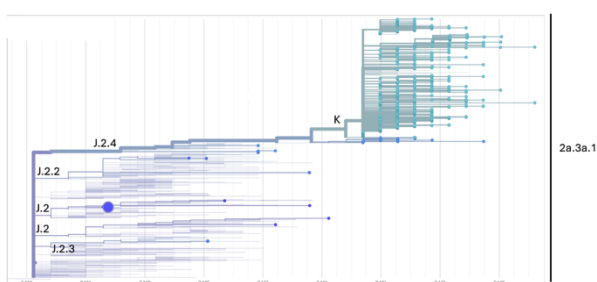


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Subclades zijn weergegeven in kleuren. Bron: Nextstrain,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

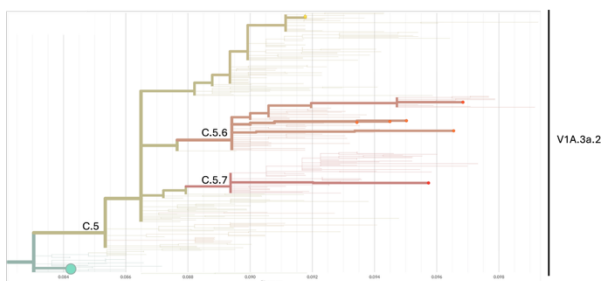


Fig. 9. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Subclades zijn weergegeven in kleuren. Bron: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

**WHO aanbeveling vaccinsamenstelling voor 2025-2026**

- 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. Vanaf seizoen 2025/2026 wordt een trivalent griepvaccin gebruikt, waarin een component uit de B/Yamagata/16/88 lijn niet meer is opgenomen. Zie ook de paragraaf over trivalente en quadrivalente vaccins op de website van het [RIVM](#).

**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. Ron Fouchier, directeur Nationaal Influenza Centrum

Dr. Björn Koel

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

Dr. Adam Meijer

Dr. Dirk Eggink

Dr. Anne Teirlinck

Drs. Anne Huiberts

Drs. Maxime Hartwig

Drs. Jasper van den Brink

Drs. Mishael van Beusekom 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. We bedanken de teams van betrokkenen bij het laboratorium van het Erasmus MC, vertegenwoordigd door Mark Pronk en Pascal Lexmond, en bij het laboratorium van het RIVM, vertegenwoordigd door Tara Sprong, Gabriel Goderski, Mariam Bagheri, Sharon van den Brink en Sanne Bos. 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 patienten 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>