

Griep lijkt over de piek heen

Nieuwsbrief influenza surveillance 2025-2026

Epidemiologische influenzasituatie in Nederland

Er is nog steeds sprake van een griepepidemie maar het aantal mensen met een acute luchtweginfectie lijkt over de piek heen. In week 9 van 2026 rapporteerden de huisartsen van de Nivel peilstations 66 patiënten met influenza-achtig ziektebeeld (IAZ) per 100.000 inwoners (figuur 1, bron: [Nivel](#)). Dit is een lichte afname ten opzichte van de voorgaande week toen dit 68 per 100.000 inwoners was. In monsters ingezonden door huisartsenpraktijken, diagnostieklaboratoria, en deelnemers aan [infectieradar](#) wordt nog vaak influenzavirus gevonden, maar de aantallen positieve monsters blijven gelijk of nemen af ten opzichte van voorgaande weken. Naast influenzavirus zorgen respiratoir syncytieel virus, humaan metapneumovirus, rhinovirus, seizoenscoronavirussen en adenovirus voor luchtweginfecties (Tabel 1. Bron: [RIVM](#)).

Influenzavirusdetecties

In de monsters afgenomen door peilstationhuisartsen in week 9 van 2026 werd bij 38 patiënten met een IAZ 20 keer (52,6%) influenzavirus gevonden. In 15 monsters van patiënten met een andere acute respiratoire infectie (ARI) werd 3 keer (20%) influenzavirus gevonden. Zie Tabel 1 en figuur 3. Sinds week 40 in 2025 is in de 1082 door peilstations ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of andere ARI 100 keer A(H1N1)pdm09 influenzavirus en 172 keer A(H3N2) influenzavirus aangetoond. Van 8 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=38)	Andere ARI (N=15)
Influenza A(H1N1)pdm09	8 (21.1%)	2 (13.3%)
Influenza A(H3N2)	11 (28.9%)	1 (6.7%)
Influenza A (subtype onbekend)	1 (2.6%)	0 (0%)
Influenza B (Victoria-lijn)	0 (0%)	0 (0%)
Respiratoir syncytieel virus	1 (2.6%)	1 (6.7%)
Humaan metapneumovirus	3 (7.9%)	0 (0%)
Enterovirus	0 (0%)	0 (0%)
Rhinovirus	2 (5.3%)	2 (13.3%)
Seizoenscoronavirussen	1 (2.6%)	1 (6.7%)
SARS-CoV-2	0 (0%)	0 (0%)
Parainfluenzavirussen	0 (0%)	0 (0%)
Adenovirus	1 (2.6%)	0 (0%)

Sinds week 40 in 2025 werden in de virologische weekstaten 11232 infecties met influenzavirus gerapporteerd, waarvan 11159 (99%) met influenza A en 73 (1%) met influenza B virus (figuur 5). Door de diagnostieklaboratoria (deels overlappend met de weekstaten) werden 1297 (99%) influenza A virus en 18 (1%) influenza B virus positieve monsters ingestuurd naar het Nationaal Influenza Centrum. Van de 633 gesubtypeerde influenza A virussen waren dit 303 (48%) A(H1N1)pdm09 en 330 (52%) A(H3N2) influenzavirussen (figuur 4). Alle getypeerde

influenza B virussen behoorden tot de Victoria-lijn. In Infectieradar werd sinds week 40 in 2025 201 keer influenza A virus gevonden waarvan 81 keer (40%) A(H1N1)pdm09 en 120 keer A(H3N2) virus (60%), en 2 keer influenza B virus (figuur 6).

Viruskarakterisering seizoen 2025-2026

Vanaf week 40 in 2025 werden dit seizoen in totaal 1017 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, 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	456	D.3.1	42
			D.3.1.1	414
A(H3N2)	2a.3a.1	548	J.2	5
			J.2.2	6
			J.2.3	2
			J.2.4	32
			K	503
B (Victoria-lijn)	V1A.3a.2	9	C.5.1	3
			C.5.6	4
			C.5.6.1	1
			C.5.7	1

Aanbeveling vaccinsamenstelling seizoen 2026/2027

Afgelopen week is in Istanboel de WHO vergadering gehouden om de vaccincompositie voor het noordelijk halfrond voor seizoen 2026/2027 vast te stellen. Een deel van de recent circulerende influenza A(H1N1)pdm09 virussen uit subclades D.3.1 en D.3.1.1 had verminderde reactiviteit met humane post-vaccinatie sera (Bron: [WHO](#)). Voor A(H1N1)pdm09 virus is daarom een update voorgesteld naar een A/Missouri/11/2025-achtig virus. Fretten antisera gericht tegen de huidige A(H3N2) virus vaccinstam en humane post-vaccinatiesera vertoonden een verminderde herkenning van de dit griepseizoen dominante A(H3N2) subclade K virussen. Voor de A(H3N2) vaccincomponent werd daarom een update voorgesteld naar A/Darwin/1454/2025. Influenza B virussen speelden de afgelopen maanden op het noordelijk halfrond een beperkte rol, maar vertoonden wel genetische diversificatie. Vooral in Noord- en Midden-Amerika circuleerden recent virussen uit subclades C.3 en C.3.1 die verminderde herkenning vertoonden in testen met fretten antisera en humane post-vaccinatiesera. Voor influenza B virussen uit de Victoria-lijn is daarom een update voorgesteld naar B/Tokyo/EIS13-175/2025. De door de WHO aanbevolen vaccinsamenstelling voor het huidige seizoen staat op pagina 3 weergegeven.

Grafieken Nivel, EMC en RIVM

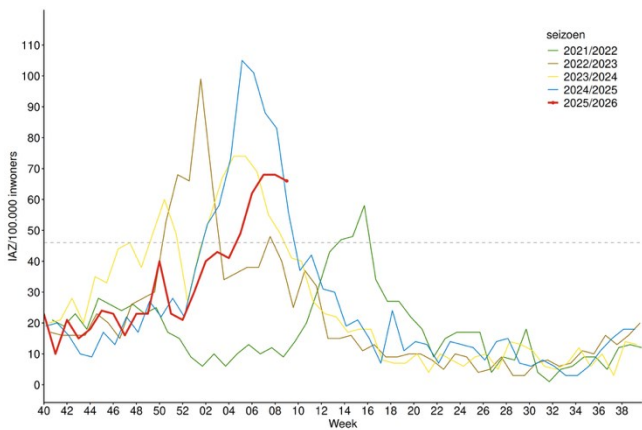


Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ in 2021-2026 per week en per 100.000 inwoners. De stippelijijn geeft de drempel voor verhoogde activiteit in 2025/2026 weer (bron: Nivel).

Grafieken Nivel, EMC en RIVM

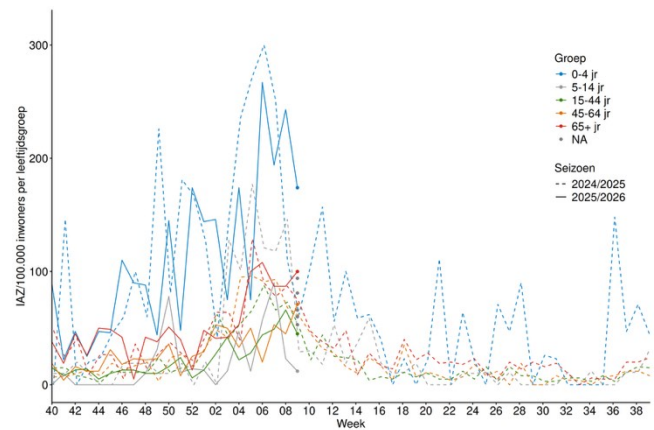


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ in 2024/2025 en 2025/2026 per week en per 100.000 inwoners, weergegeven per leeftijdsgroep (bron: Nivel).

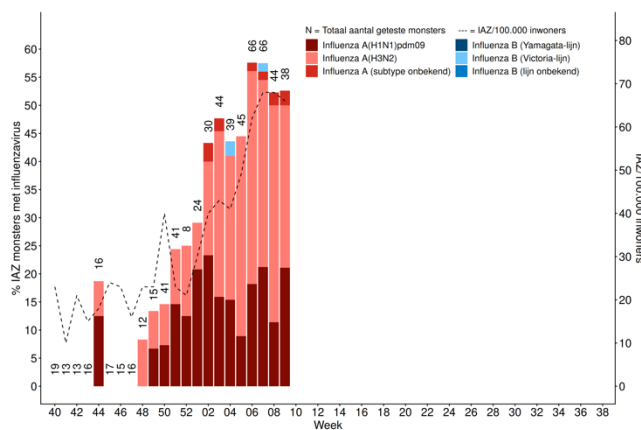


Fig. 3. Percentage monsters van huisartspatiënten met IAZ waarin influenzavirus werd aangetroffen (y-as links), met het totaal aantal geteste monsters numeriek weergegeven per week van monsterafname in 2025/2026. De incidentie van IAZ per week en per 100.000 inwoners is weergegeven als stippelijijn (y-as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

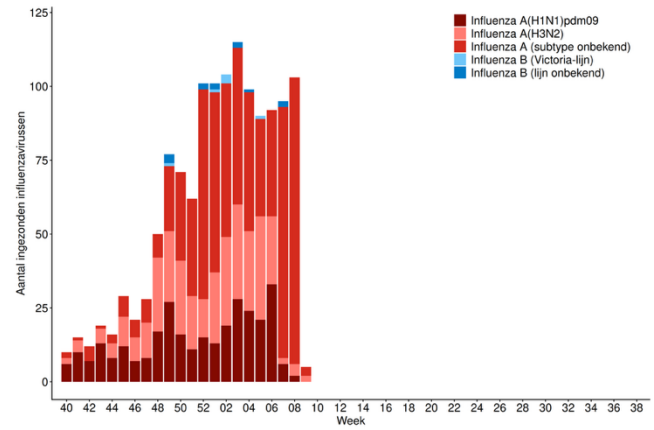


Fig. 4. Aantallen getypeerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria opgestuurde influenzavirus positieve monsters per week van monsterafname in 2025/2026. Door het insturen van een selectie van influenzavirus positieve monsters is kwantitatieve interpretatie niet mogelijk en lopen typering en enigszins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

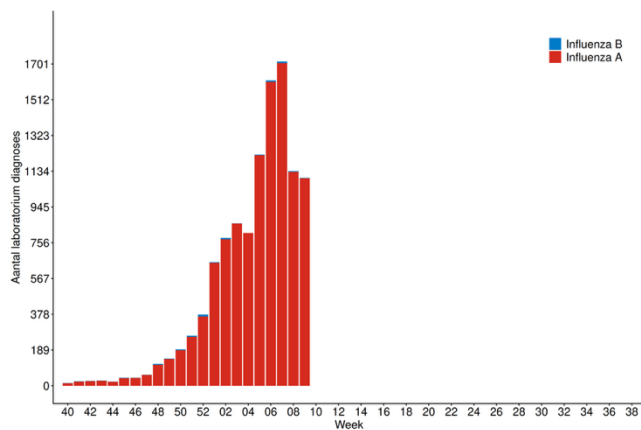


Fig. 5. Aantallen diagnoses van influenzavirusinfecties gerapporteerd door de diagnostiek laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten per week van diagnose in 2025/2026. De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie nog niet alle laboratoria hun data hebben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

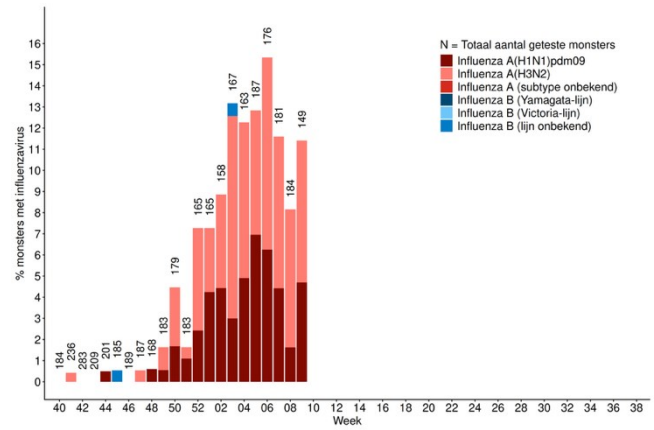


Fig. 6. Percentage monsters, afgenomen bij deelnemers aan de Infectieradar met klachten passend bij een acute luchtweginfectie, waarin influenzavirus werd aangetroffen per week van monsterafname in 2025/2026. Het totaal aantal geteste monsters is numeriek weergegeven per week (bron: Infectieradar RIVM).

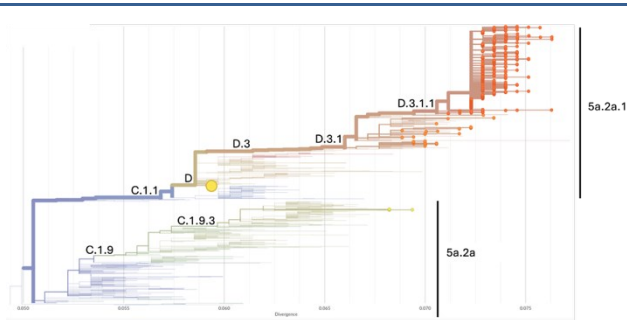
Stambomen

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.

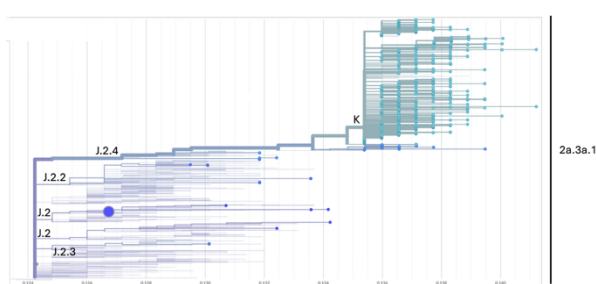


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Subclades zijn weergegeven in kleuren. Bron: Nextstrain,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

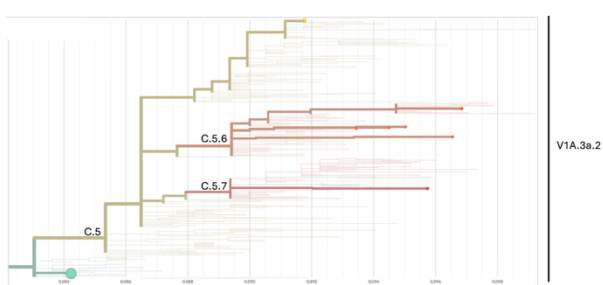


Fig. 9. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Subclades zijn weergegeven in kleuren. Bron: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

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>