

Griepepidemie duurt voort, maar minder mensen met griep in Nederland

Nieuwsbrief influenza surveillance 2025-2026

Epidemiologische influenzasituatie in Nederland

Vanaf maart 2026 is de rapportage over griep veranderd. De traditionele rapportage over influenza-achtig ziektebeeld (IAZ) door huisartspraktijken is gestopt. In plaats daarvan wordt er wekelijks gerapporteerd over patiënten die met een acute respiratoire infectie (ARI) bij de huisarts komen. Dit zijn patiënten met een IAZ en patiënten met een andere acute luchtweginfectie veroorzaakt door virussen of bacteriën. De grenswaarde voor verhoogde ARI activiteit in de huisartsenpraktijk is 291 patiënten per 100.000 inwoners. In week 10 van 2026 kwamen 284 patiënten per 100.000 inwoners met een ARI bij de huisartsen van Nivel Zorgregistraties Eerste Lijn (figuur 1, bron: [Nivel](#)). Dit is een lichte afname ten opzichte van de voorgaande week. Dat komt vooral door een daling in de leeftijdsgroepen 0 tot 4 jaar en 5 tot 14 jaar (figuur 2). Het is voor het eerst sinds het begin van deze griepepidemie dat het aantal patiënten met een ARI onder de grenswaarde komt. In monsters ingezonden door huisartsenpraktijken, diagnostieklaboratoria, en deelnemers aan [infectieradar](#) wordt ook minder vaak influenzavirus gevonden, maar er is wel nog steeds sprake van een griepepidemie. 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 10 van 2026 werd bij 42 patiënten met een ARI 13 keer (31%) influenzavirus gevonden. Zie Tabel 1 en figuur 3. Sinds week 40 in 2025 is in de 1134 door peilstations ingestuurde monsters van patiënten met een ARI 108 keer A(H1N1)pdm09 influenzavirus en 182 keer A(H3N2) influenzavirus aangetoond. Van 10 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	ARI (N=42)
Influenza A(H1N1)pdm09	6 (14.3%)
Influenza A(H3N2)	6 (14.3%)
Influenza A (subtype onbekend)	1 (2.4%)
Influenza B (Victoria-lijn)	0 (0%)
Respiratoir syncytieel virus	1 (2.4%)
Humaan metapneumovirus	3 (7.1%)
Enterovirus	0 (0%)
Rhinovirus	3 (7.1%)
Seizoenscoronavirussen	2 (4.8%)
SARS-CoV-2	0 (0%)
Parainfluenzavirussen	0 (0%)
Adenovirus	1 (2.4%)

Sinds week 40 in 2025 werden in de virologische weekstaten 11.824 infecties met influenzavirus gerapporteerd, waarvan 11.749 (99%) met influenza A en 75 (1%) met influenza B virus

(figuur 4). Door de diagnostieklaboratoria (deels overlappend met de weekstaten) werden 1378 (99%) influenza A virus positieve en 20 (1%) influenza B virus positieve monsters ingestuurd naar het Nationaal Influenza Centrum. Van de 721 gesubtypeerde influenza A virussen waren dit 345 (48%) A(H1N1)pdm09 en 376 (52%) A(H3N2) influenzavirussen (figuur 5). Alle getypeerde influenza B virussen behoorden tot de Victoria-lijn. In Infectieradar werden sinds week 40 in 2025 208 influenza A virus infecties gevonden, waarvan 85 keer (41%) A(H1N1)pdm09 virus, 123 keer A(H3N2) virus (59%), en 2 influenza B virus infecties (figuur 6).

Viruskarakterisering seizoen 2025-2026

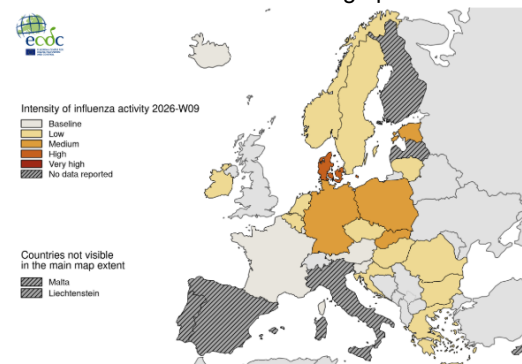
Vanaf week 40 in 2025 werden dit seizoen in totaal 1131 A(H1N1)pdm09, A(H3N2) en influenza B virussen uit de peilstations, diagnostiek laboratoria en Infectieradar door middel van sequencing genetisch gekarakteriseerd en via [GISAID](#) gedeeld (Tabel 2 en figuren 7-9). Ondanks de waargenomen genetische variatie behoort het merendeel van de genetisch gekarakteriseerde influenza virussen tot A(H1N1)pdm09 subclade D.3.1.1 (42%) of A(H3N2) subclade K (49%). Varianten met mutaties op antigeen relevante aminozuurposities worden slechts sporadisch aangetroffen.

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	516	D.3.1	43
			D.3.1.1	473
A(H3N2)	2a.3a.1	601	J.2	6
			J.2.2	6
			J.2.3	2
			J.2.4	38
			K	549
B (Victoria-lijn)	V1A.3a.2	10	C.5.1	3
			C.5.6	5
			C.5.6.1	1
			C.5.7	1

De huidige situatie in Europa

De influenza activiteit nam in de Europese landen die rapporteerden over week 9 verder af. In een aantal Europese landen is de activiteit weer terug op basisniveau ([erviss.org](#)).



Grafieken Nivel, EMC en RIVM

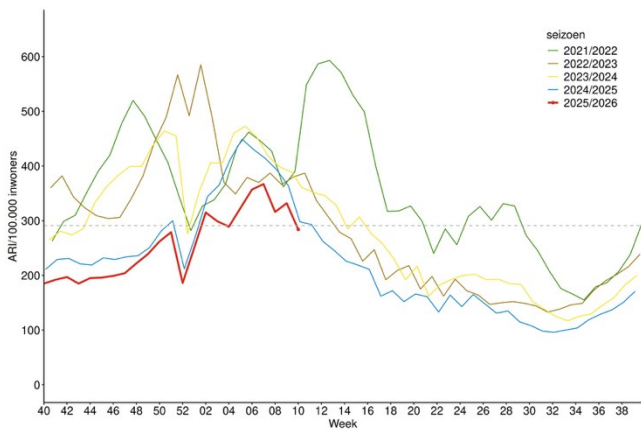


Fig. 1. Wekelijks aantal patiënten met een acute luchtweginfectie (ARI) in de huisartsenpraktijk per 100.000 inwoners, 2021-2026. De stippellijn geeft de drempel voor verhoogde activiteit in 2025/2026 weer (bron: Nivel).

Grafieken Nivel, EMC en RIVM

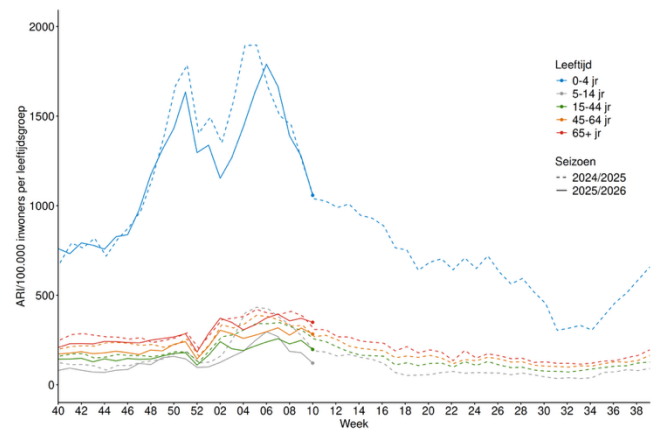


Fig. 2. Wekelijks aantal patiënten met een acute luchtweginfectie (ARI) in de huisartsenpraktijk per 100.000 inwoners in 2024/2025 en 2025/2026, per leeftijdsgroep (bron: Nivel).

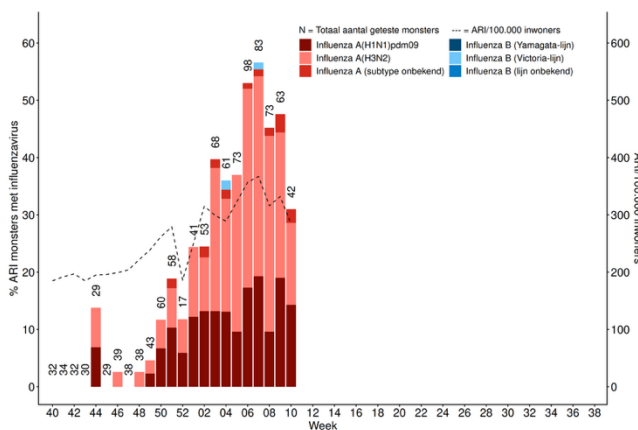


Fig. 3. Percentage monsters van huisartspatiënten met ARI waarin influenzavirus werd aangetroffen (y-as links), met het totaal aantal geteste monsters numeriek weergegeven per week van monsterafname in 2025/2026. Het aantal patiënten met ARI per week en per 100.000 inwoners is weergegeven als stippellijn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

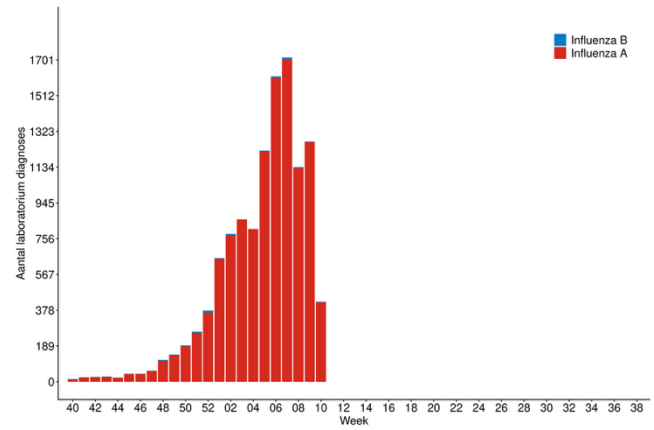


Fig. 4. Aantallen diagnoses van influenzavirusinfecties gerapporteerd door de diagnostiek laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten per week van diagnose in 2025/2026. De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie nog niet alle laboratoria hun data hebben gerapporteerd (bron: virologische weekstaten).

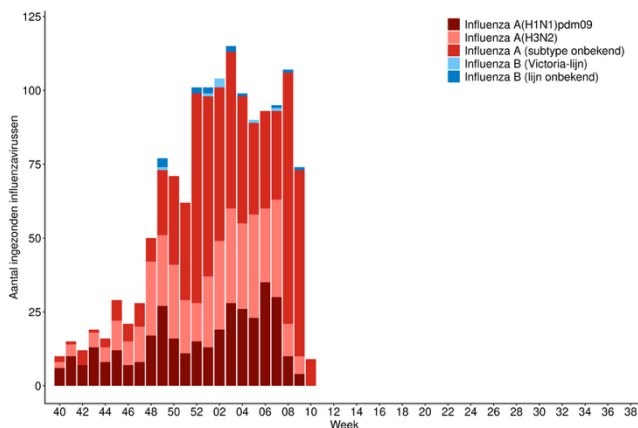


Fig. 5. Aantallen getypeerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria opgestuurde influenzavirus positieve monsters per week van monsterafname in 2025/2026. Door het insturen van een selectie van influenzavirus positieve monsters is kwantitatieve interpretatie niet mogelijk en lopen typering en enigszins achter (bron: EMC, RIVM).

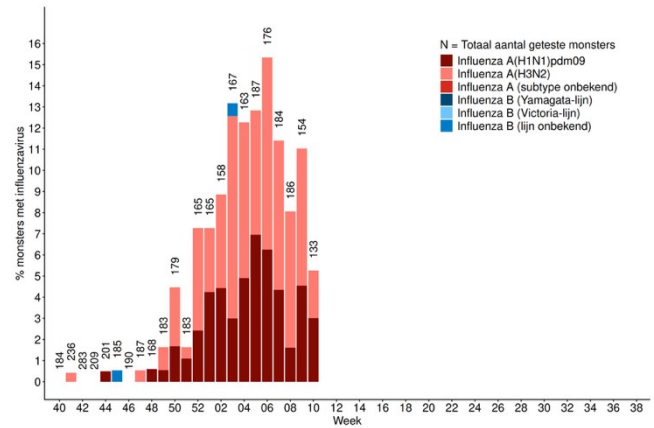


Fig. 6. Percentage monsters, afgenomen bij deelnemers aan de Infectieradar met klachten passend bij een acute luchtweginfectie, waarin influenzavirus werd aangetroffen per week van monsterafname in 2025/2026. Het totaal aantal geteste monsters is numeriek weergegeven per week (bron: Infectieradar RIVM).

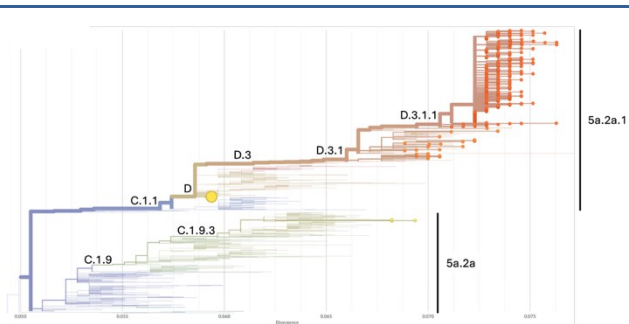
Stambomen

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.

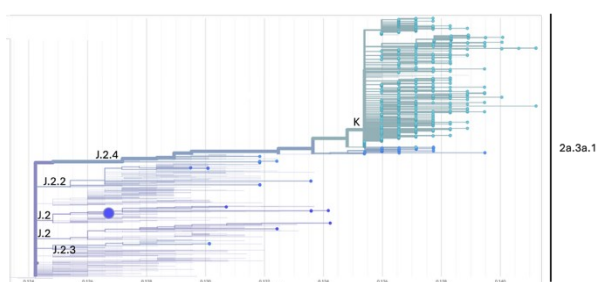


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Subclades zijn weergegeven in kleuren. Bron: Nextstrain,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

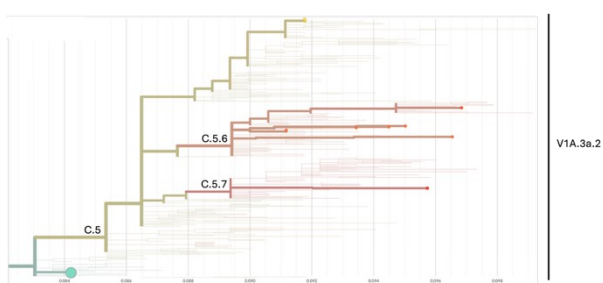


Fig. 9. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Subclades zijn weergegeven in kleuren. Bron: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