

Jaarlijkse griep epidemie voorbij, nog wel influenzadetecties

Nieuwsbrief influenza surveillance 2025-2026

Epidemiologische influenzasituatie in Nederland

De griep epidemie van seizoen 2025-2026 is voorbij. In week 11 van 2026 is het aantal patiënten dat met een acute luchtweg infectie (ARI) bij de huisarts kwam verder gedaald ten opzichte van de week ervoor. Er werden 239 patiënten per 100.000 inwoners met een ARI gerigistreerd door de huisartsen van Nivel Zorgregistraties Eerste Lijn (figuur 1, bron: [Nivel](#)). Dit aantal ligt voor de tweede week op rij onder de grenswaarde voor verhoogde ARI activiteit in de huisartsenpraktijk van 291 patiënten per 100.000 inwoners. De daling in het aantal mensen dat met ARI de huisarts bezoekt is zichtbaar in alle leeftijdsgroepen (figuur 2). Ook in monsters ingezonden door huisartsenpraktijken, diagnostiek laboratoria, en deelnemers aan [Infectieradar](#) is opnieuw minder vaak influenzavirus gevonden dan in de voorgaande weken. De griep epidemie in 2026 duurde van week 5 tot en met week 11, in totaal 6 weken. Hoewel er geen sprake meer is van een griep epidemie, wordt er nog wel griep virus gedetecteerd. Alertheid blijft daarom geboden. Naast influenzavirus zorgen respiratoir syncytieel virus, humaan metapneumovirus, rhinovirus, seizoenscoronavirussen, en Parainfluenzavirussen nog voor luchtweg infecties (Tabel 1. Bron: [RIVM](#)).

Influenzavirusdetecties

In de monsters afgenomen door peilstation huisartsen in week 11 van 2026 werd bij 33 patiënten met een ARI 1 keer (3%) influenzavirus gevonden. Zie Tabel 1 en figuur 3. Sinds week 40 in 2025 is in de 1171 door peilstations ingestuurde monsters van patiënten met een ARI 109 keer A(H1N1)pdm09 influenzavirus en 183 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. Door een technische storing zijn voor week 11 niet alle data compleet. Updates zullen worden gepubliceerd op [de site van het RIVM](#).

Tabel 1. Virologische uitslagen peilstation huisartsen

| Virus | ARI (N=33) |
|--------------------------------|------------|
| Influenza A(H1N1)pdm09 | 0 (0%) |
| Influenza A(H3N2) | 1 (3%) |
| Influenza A (subtype onbekend) | 0 (0%) |
| Influenza B (Victoria-lijn) | 0 (0%) |
| Respiratoir syncytieel virus | 3 (9.1%) |
| Humaan metapneumovirus | 5 (15.2%) |
| Enterovirus | 0 (0%) |
| Rhinovirus | 1 (3%) |
| Seizoenscoronavirussen | 1 (3%) |
| SARS-CoV-2 | 0 (0%) |
| Parainfluenzavirussen | 3 (9.1%) |
| Adenovirus | 0 (0%) |

Sinds week 40 in 2025 werden in de virologische weekstaten 12.161 infecties met influenzavirus gerapporteerd, waarvan 12.086 (99%) met influenza A en 75 (1%) met influenza B virus (figuur 4). Door de diagnostiek laboratoria (deels overlappend met de weekstaten) werden 1454 (99%) influenza A virus positieve en 20 (1%) influenza B virus positieve monsters ingestuurd naar het Nationaal Influenza Centrum. Van de 849 gesubtypeerde influenza A virussen waren dit 402 (47%) A(H1N1)pdm09 en 447 (53%) A(H3N2) influenzavirussen (figuur 5). Alle getypeerde influenza B virussen behoorden tot de Victoria-lijn. In Infectieradar werden sinds week 40 in 2025 213 influenza A virus infecties gevonden, waarvan 88 keer (42%) A(H1N1)pdm09 virus, 123 keer A(H3N2) virus (58%), en 2 influenza B virus infecties (figuur 6).

Viruskarakterisering seizoen 2025-2026

Vanaf week 40 in 2025 werden dit seizoen in totaal 1264 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). Gedurende het 2025-2026 griepseizoen behoorden het merendeel van de genetisch gekarakteriseerde influenza virussen tot A(H1N1)pdm09 subclade D.3.1.1 (ongeveer 40%) of A(H3N2) subclade K (ongeveer 50%). Varianten met mutaties op antigeen relevante aminozuurposities werden slechts sporadisch aangetroffen. Influenza B virussen speelden een kleine rol tijdens de afgelopen griep epidemie.

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 | 576 | D.3.1 | 44 |
| | | | D.3.1.1 | 532 |
| A(H3N2) | 2a.3a.1 | 671 | J.2 | 6 |
| | | | J.2.2 | 6 |
| | | | J.2.3 | 2 |
| | | | J.2.4 | 42 |
| | | | K | 615 |
| B (Victoria-lijn) | V1A.3a.2 | 13 | C.5.1 | 3 |
| | | | C.5.6 | 7 |
| | | | C.5.6.1 | 1 |
| | | | C.5.7 | 2 |

WHO aanbeveling vaccinsamenstelling voor 2026-2027

- A/Missouri/11/2025-achtig A(H1N1)pdm09 virus;
- A/Darwin/1454/2025-achtig A(H3N2) virus;
- B/Tokyo/EIS13175/2025-achtig virus (B/Victoria/2/87 lijn)

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

Grafieken Nivel, EMC en RIVM

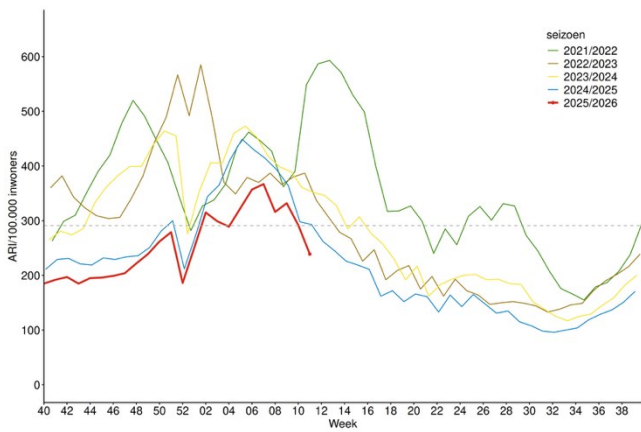


Fig. 1. Wekelijks aantal patiënten met een acute luchtweginfectie (ARI) in de huisartsenpraktijk per 100.000 inwoners, 2021-2026. De stippellijn geeft de drempel voor verhoogde activiteit in 2025/2026 weer (bron: Nivel).

Grafieken Nivel, EMC en RIVM

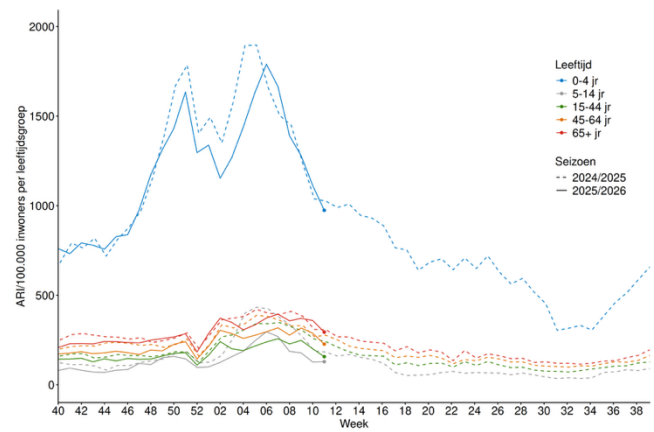


Fig. 2. Wekelijks aantal patiënten met een acute luchtweginfectie (ARI) in de huisartsenpraktijk per 100.000 inwoners in 2024/2025 en 2025/2026, per leeftijdsgroep (bron: Nivel).

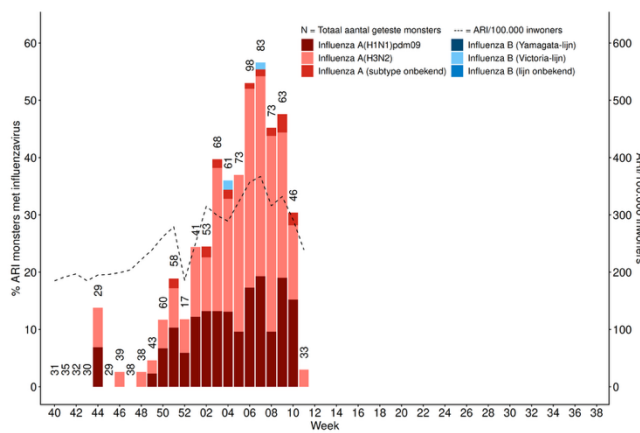


Fig. 3. Percentage monsters van huisartspatiënten met ARI waarin influenzavirus werd aangetroffen (y-as links), met het totaal aantal geteste monsters numeriek weergegeven per week van monsterafname in 2025/2026. Het aantal patiënten met ARI per week en per 100.000 inwoners is weergegeven als stippellijn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

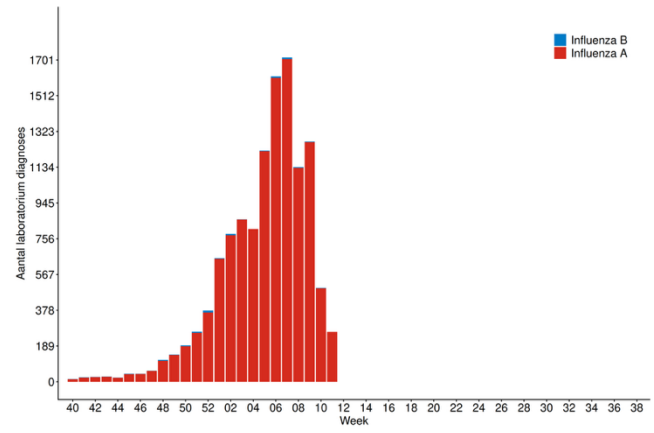


Fig. 4. Aantallen diagnoses van influenzavirusinfecties gerapporteerd door de diagnostiek laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten per week van diagnose in 2025/2026. De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie nog niet alle laboratoria hun data hebben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

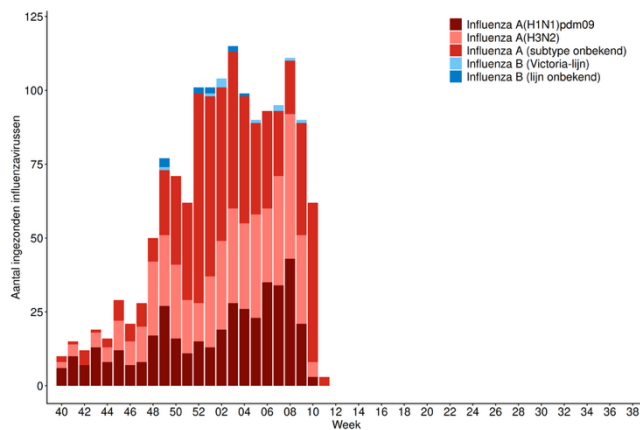


Fig. 5. Aantallen getypeerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria opgestuurde influenzavirus positieve monsters per week van monsterafname in 2025/2026. Door het insturen van een selectie van influenzavirus positieve monsters is kwantitatieve interpretatie niet mogelijk en lopen typeringens enigszins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

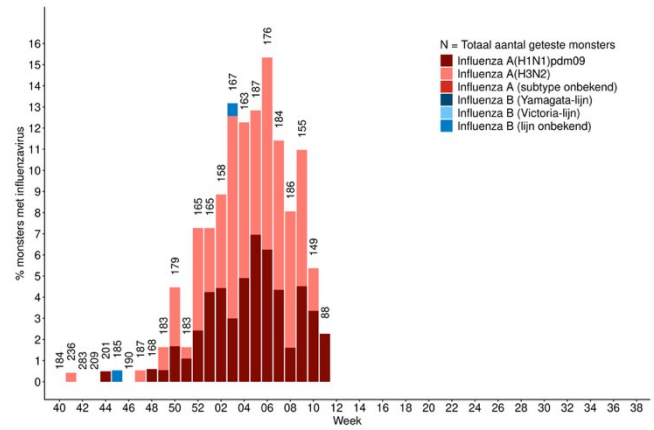


Fig. 6. Percentage monsters, afgenomen bij deelnemers aan de Infectieradar met klachten passend bij een acute luchtweginfectie, waarin influenzavirus werd aangetroffen per week van monsterafname in 2025/2026. Het totaal aantal geteste monsters is numeriek weergegeven per week (bron: Infectieradar RIVM).

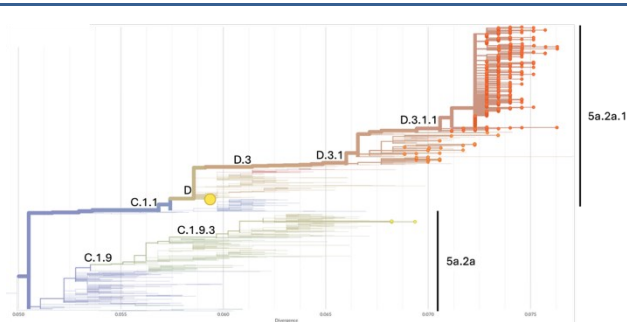
Stambomen

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.

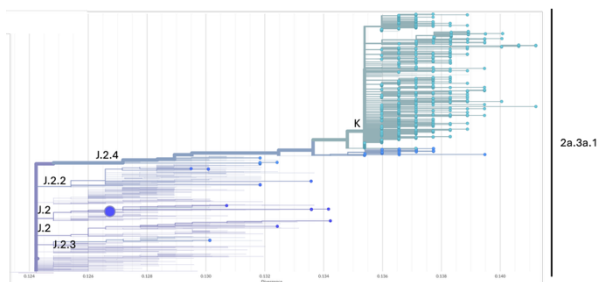


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Subclades zijn weergegeven in kleuren. Bron: Nextstrain,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

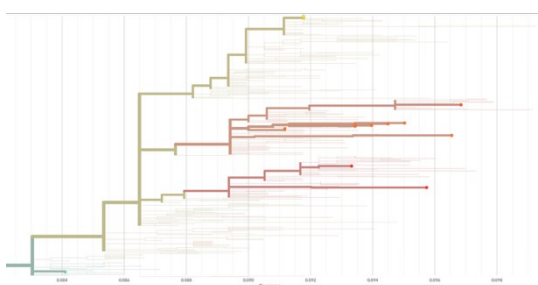


Fig. 9. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Subclades zijn weergegeven in kleuren. Bron: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

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. Anne Teirlinck
Drs. Maxime Hartwig
Drs. Mishael van Beusekom
Dr. Dirk Eggink
Drs. Anne Huiberts
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

Dit is de laatste nieuwsbrief van dit seizoen. Wij bedanken allen die hebben bijgedragen aan de influenzasurveillance hartelijk voor hun inspanningen en hopen ook volgend seizoen weer op hun inzet! We danken in het bijzonder de peilstations, laboratoria, ziekenhuizen en Infectieradar voor het insturen van een grote stroom monsters en gegevens. 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>