

# Griepepidemie zet onverminderd door

Nieuwsbrief  
Influenza-  
Surveillance  
2021-2022

Een uitgave van: Nationaal Influenza Centrum (NIC): Rotterdam (Erasmus MC), Bilthoven (RIVM); Nederlands instituut voor onderzoek van de gezondheidszorg (Nivel)

## Epidemiologische influenzasituatie in Nederland

In week 14 van 2022 rapporteerden de Nivel peilstations 4,2 patiënten met influenza-achtig ziektebeeld (IAZ) per 10.000 inwoners (figuur 1, 2). In Nederland spreken we van een epidemie als in twee achtereenvolgende weken de influenza activiteit boven de epidemische grens van 5,8 patiënten met IAZ per 10.000 inwoners ligt en er bij een substantieel aantal van de patiënten een influenzavirus gevonden is (Bron: [Nivel](#)). Omdat veel mensen met luchtwegklachten momenteel een zelftest doen en/of zich melden bij GGD COVID-19 teststraten is de start van de epidemie dit jaar niet vastgesteld op basis van IAZ-consulten bij de Nivel peilstationhuisartsen. Dit jaar deden we dat op basis van een sterke stijging van het aantal influenzavirus detecties in de virologische weekstaten en het aandeel influenzavirus positieve monsters afgenomen bij patiënten met luchtwegklachten bij de peilstationhuisartsen en in GGD teststraten (zie hieronder). In de figuren op pagina 2 zijn de Nivel IAZ gegevens van de laatste 3 weken gecorrigeerd in verband met een eerdere technische storing. De verhoging van de IAZ incidentie van de laatste weken is vooral te zien in de leeftijdsgroep 0-4 jaar en 5-14 jaar (Bron: [Nivel](#)).

## Influenzavirusdetecties

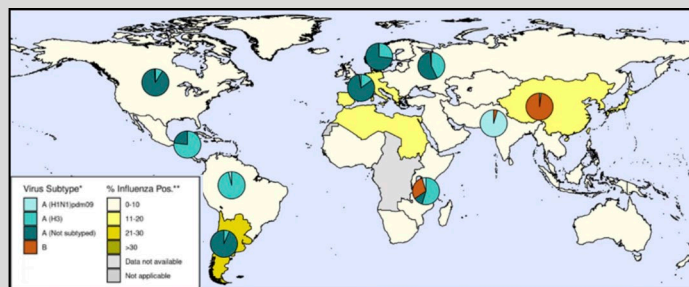
In week 14 van 2022 werd in de 37 door peilstationhuisartsen ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ 21 keer (57%) influenzavirus type A(H3N2) gevonden en 8 keer (22%) influenzavirus A(H1N1)pdm09 (figuur 3). Daarnaast werd 1 keer SARS-CoV-2, 3 keer humaan seizoenscoronavirus (hCoV) en 2 keer rhinovirus aangetroffen. In 24 monsters van patiënten met een andere acute respiratoire infectie (ARI), ingestuurd door peilstationhuisartsen, werd 7 keer (29%) influenzavirus A(H3N2) en 2 keer (8%) influenzavirus A(H1N1)pdm09 gevonden. Ook werd 2 keer SARS-CoV-2, 2 keer hCoV, 1 keer rhinovirus, 1 keer respiratoir syncytieel virus (RSV) en 1 keer enterovirus aangetroffen. Deze percentages influenzavirus positieve monsters zijn typisch voor griepedemieën in Nederland. Sinds week 30/2021 is in de 822 door peilstationhuisartsen ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of ARI 172 keer influenza A(H3N2) virus, 24 keer A(H1N1)pdm09 en 1 keer influenza B virus van de Victoria-lijn aangetoond, met veel influenzavirusdetecties in de laatste zes weken (figuur 3).

Sinds week 30 van 2021 werden in de virologische weekstaten door ziekenhuizen 4797 influenzavirusinfecties gerapporteerd. Het aantal meldingen van influenzavirusinfecties bleef in week 14 onverminderd hoog (figuur 5). Het betrof 3717 infecties (98%) met influenza A virus en 80 (2%) met influenza B virus. Er worden dit seizoen door diverse Nederlandse ziekenhuizen (gedeeltelijk overlappend met de weekstaten) influenzavirus-positieve monsters ingestuurd naar het Nationaal Influenza Centrum om ook tijdens de COVID-19 pandemie zicht te houden op de circulerende virussen. Via dit circuit werden sinds week

30 885 influenza A(H3N2) virussen, 160 A(H1N1)pdm09 virussen en 27 influenza B virussen ingestuurd (figuur 4). Een toenemend aantal influenza A virussen (N=553) werd niet verder gekarakteriseerd omdat de beschikbare gegevens al voldoende zicht geven op deze virussen.

In een aantal GGD teststraten worden door diverse partijen (RIVM en GGD-en verspreid door het land, GGD Amsterdam en UMC Amsterdam, GGD regio Utrecht, Utrecht UMC en Diakonessenhuis) steekproefsgewijs monsters onderzocht op influenzavirus. Vanaf week 8 werd hier een substantieel percentage monsters positief bevonden voor influenzavirus type A en sporadisch type B (bron: [RIVM](#)).

De stamboomanalyse uitgevoerd met de Nederlandse influenza-virussen laat zien dat de vaccinstammen voor 2021/2022 genetisch afwijken van de hier circulerende virussen. De Nederlandse influenza B virussen zijn dit jaar allemaal van de Victoria-lijn, clade V1A.3a.2 (figuur 8) en de A(H1N1)pdm09 virussen vallen in clade 6B.1A.5a.1, op enkele virussen van clade 6B.1A.5a.2 na (figuur 7). De influenza A (H3N2) virussen behoren bijna allen tot clade 3C.2a1b.2a.2 (figuur 7) maar deze groep virussen is door reassortering genetisch zeer divers. Er zijn ook duidelijke verschillen in antigene eigenschappen tussen de virussen opgenomen in het vaccin voor 2021/2022 en de in Nederland circulerende virussen. Toch bleek uit de voorlopige gepoolde data van zeven Europese onderzoekslocaties (I-MOVE-consortium) dat de vaccin-effectiviteit tegen influenza type A 36% is voor alle leeftijden, vergelijkbaar met de vaccineffectiviteit van de laatste tien seizoenen waarin griep werd aangetoond (Bron: [ECDC/WHO](#)).



## De huidige situatie elders

**Wereldwijd** domineren influenza A virussen (zie figuur, bron: [WHO](#)). Alleen in China zijn influenza B virussen van de Victoria-lijn dominant en in India domineren influenza A(H1N1)pdm09 virussen. De geografische spreiding van de influenza-activiteit in **Europa** is al enkele weken ongeveer constant. De intensiteit is hoger dan in 2021-2022 maar lager dan in seizoenen voor de COVID-19 pandemie (Bron: [ECDC](#)). In de **Verenigde Staten** neemt net als in Europa de influenza activiteit langzaam toe, maar niet in **Canada** (bron: [CDC FluView](#); [Canada Fluwatch](#)).



Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreerde influenza-achtige ziektebeelden (IAZ) per 10.000 inwoners per regio in week 14 van 2022 (bron: Nivel).

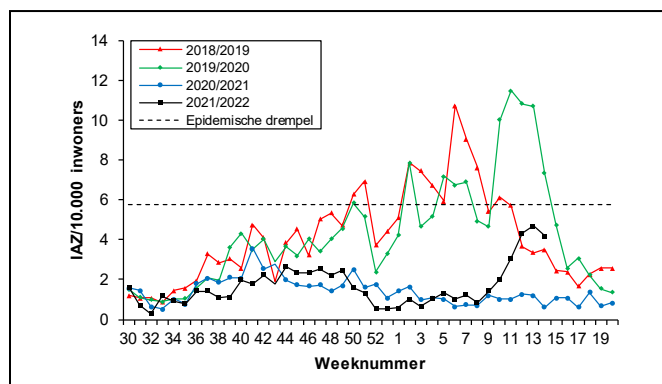


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreerde patiënten met IAZ in 2018-2022 per week en per 10.000 inwoners (bron: Nivel). De stippellijn geeft de epidemische drempel weer.

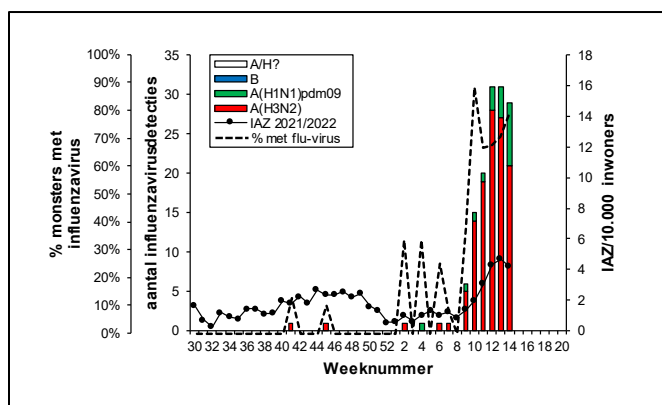


Fig. 3. Aantallen monsters van huisartspatiënten met een IAZ waarin influenza virus is gedetecteerd en het percentage monsters waarin een influenza virus werd aangetroffen (y-assen links), en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts) (bron: resp. RIVM en Nivel).

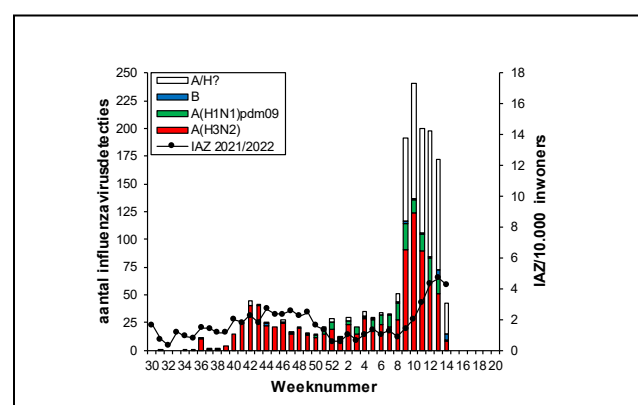


Fig. 4. Aantallen door Erasmus MC en RIVM getypeerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria naar Erasmus MC of RIVM opgestuurde influenza virus positieve monsters (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). Vanaf week 9 wordt een selectie van influenza virus positieve monsters ingestuurd zodat een kwantitatieve interpretatie niet mogelijk is (bron: EMC/RIVM en Nivel).

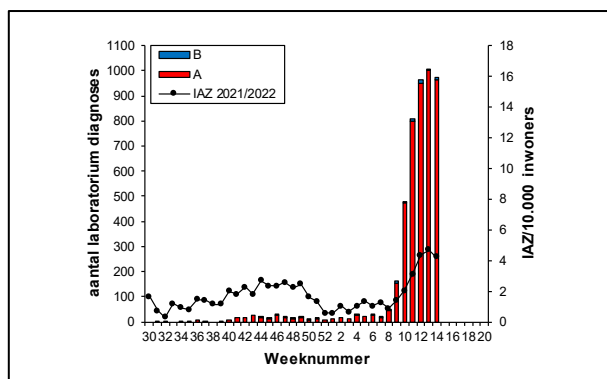


Fig. 5. Aantallen diagnoses van influenzavirus infecties gerapporteerd door de diagnostische laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie nog niet alle laboratoria hun data hebben gerapporteerd (bron: resp. virologische weekstaten en Nivel).

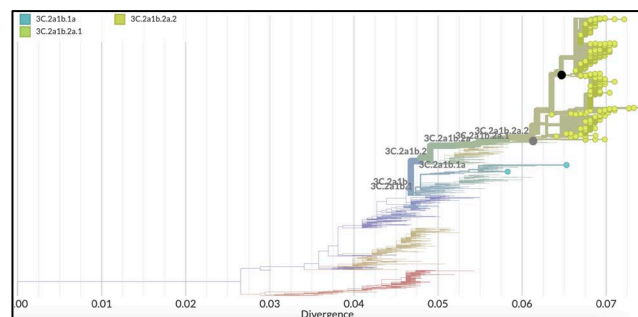


Fig. 6. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De kleine balletjes geven recente Nederlandse virussen weer en clades zijn weergegeven in kleuren. De grijze bal geeft de vaccinstam van dit seizoen aan en de zwarte voor volgend seizoen. Alle Nederlandse A(H3N2) virussen van 2021/2022 vallen in Clade 3C.2a1b.2a.2 (groen) en 3C.2a1b.1a (blauw). Bron: [Nextstrain](#), met dank aan [GISAID](#).

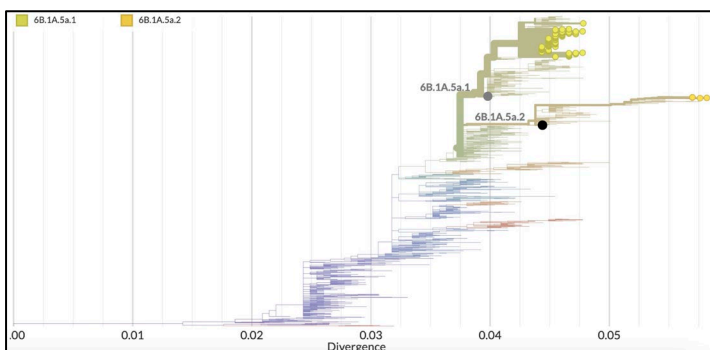


Fig. 7. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H1N1)pdm09 virussen. De balletjes geven recente Nederlandse virussen weer. Clades zijn weergegeven in kleuren. De zwarte bal geeft de vaccinstam van dit en volgend seizoen aan, de grijze van 2 seizoenen geleden. De Nederlandse A(H1N1)pdm09 virussen vallen vooral in Clade 6B.1A.5a.1 (bovenaan). Bron: [Nextstrain](#), met dank aan [GISAID](#).

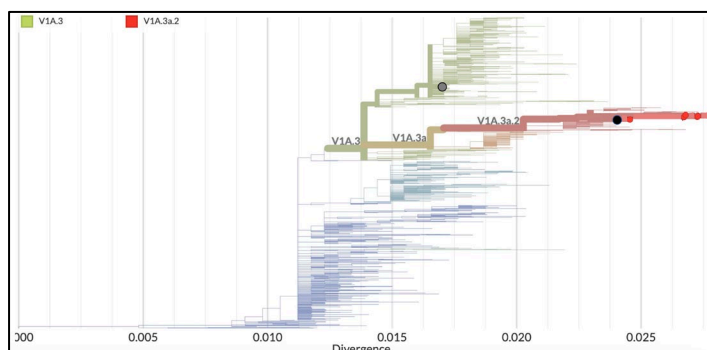


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De rode balletjes geven acht recente Nederlandse virussen weer. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse 2021/2022 virussen vallen in clade V1A.3a.2. De huidige vaccinstam is met een grijze bal aangegeven en die voor het volgende seizoen in zwart. Bron: [Nextstrain](#), met dank aan [GISAID](#).

### Samenstelling van het influenzavaccin voor het seizoen 2022/2023

- A/Victoria/2570/2019-achtig H1N1pdm09 virus;
- A/Darwin/9/2021-achtig 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.

De eerste analyses van de vaccineffectiviteit in Europa voor 2021/2022 (I-MOVE) zijn [hier](#) te vinden.

Wij danken iedereen die genetische data voor influenzavirus beschikbaar heeft gesteld, zowel uit de virologische laboratoria als de sequencing laboratoria, alsmede [GISAID](#) die deze data aanbiedt via de Epiflu database. Wij danken [Nextstrain](#) medewerkers, in het bijzonder Richard Neher, voor de fylogenie. Wij danken John McCauley en zijn medewerkers van het WHO referentie laboratorium bij het Francis Crick Institute in Londen voor antigene karakterisering van virussen in het GISRS netwerk.

### Colofon

Deze Nieuwsbrief komt tot stand door samenwerking van de volgende instanties en personen:

Nivel, Utrecht  
Dr. Janneke Hendriksen  
Dr. Mariëtte Hooiveld

Nationaal Influenza Centrum  
Prof. dr. Marion Koopmans, directeur

Erasmus MC, Rotterdam  
Prof. dr. Ron Fouchier

RIVM, Bilthoven  
Dr. Adam Meijer  
Dr. Marit de Lange  
Dr. Anne Teirlinck

*Redactiesecretariaat:*  
Maria Silva  
Nationaal Influenza Centrum

Aanmelden voor de Nieuwsbrief: [nic@erasmusmc.nl](mailto:nic@erasmusmc.nl)

De Nieuwsbrief ook op Internet:  
<https://www.erasmusmc.nl/nl-patientenzorg/laboratoriumspecialismen/klinische-virologie>  
<http://www.nivel.nl/griepmonitor>  
<https://www.rivm.nl/griep-grieprik/feiten-en-cijfers>

Virologische weekstaten:  
<https://www.rivm.nl/virologische-weekstaten>

Nieuwsbrief  
Influenza-Surveillance  
2021-2022