

Aantallen influenzavirusdetecties nemen sterk toe

Nieuwsbrief influenza surveillance 2024-2025

Epidemiologische influenzasituatie in Nederland

In week 1 van 2025 rapporteerden de huisartsen van de Nivel peilstations 38 patiënten met influenza-achtig ziektebeeld (IAZ) per 100.000 inwoners (figuur 1). De aantallen in week 1 zijn door nieuwjaarsdag mogelijk lager dan gebruikelijk doordat de huisartsenpraktijken minder dagen open waren. Toch is er een relatief sterke toename van patiënten met IAZ in vergelijking met afgelopen weken (Bron: [Nivel](#)), maar deze ligt nog wel onder de grenswaarde waarbij we spreken van verhoogde IAZ-activiteit in de huisartsenpraktijk. De grenswaarde is voor seizoen 2024/2025 vastgesteld op 53 per 100.000 patiënten (Bron: [Nivel](#)). Hoewel we nog niet spreken over een griep epidemie loopt de incidentie snel op en nemen ook de aantallen griepvirussen die gedetecteerd worden in alle surveillance bronnen sterk toe. Naast griepvirussen werden de afgelopen week vooral respiratoir syncytieel virus en ook rhinovirus, SARS-CoV-2, parainfluenzavirussen, en adenovirus aangetoond in monsters uit alle surveillance bronnen (Bron: [RIVM](#)).

Influenzavirusdetecties

In de monsters afgenomen door peilstationhuisartsen in week 1 van 2025 werd bij 20 patiënten met een IAZ 8 keer (40%) influenzavirus gevonden. In 17 monsters van patiënten met een andere acute respiratoire infectie (ARI) werd 3 keer (18%) influenzavirus gevonden (zie onderstaande tabel en figuur 3). Sinds week 40 is in de 532 door peilstations ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of andere ARI 22 keer A(H1N1)pdm09 virus, 17 keer influenza A(H3N2) virus, en 3 keer influenza B virus van de Victoria-lijn aangetoond. Van 2 influenza A virussen kon het subtype niet worden vastgesteld vanwege lage hoeveelheid virus in het monster. In oktober werd in één peilstationmonster B/Yamagata influenza virus RNA gedetecteerd. De detectie is gemeld bij de WHO en het ECDC. Omdat alom wordt aangenomen dat B/Yamagata virussen niet langer circuleren houden we de influenzavirussen van type B dit seizoen in Nederland extra in de gaten.

Virus	IAZ (N=20)	Andere ARI (N=17)
Influenza A(H1N1)pdm09	4 (20%)	0 (0%)
Influenza A(H3N2)	4 (20%)	3 (17.6%)
Influenza A (subtype onbekend)	0 (0%)	0 (0%)
Influenza B virus, Victoria-lijn	0 (0%)	0 (0%)
Respiratoir syncytieel virus	0 (0%)	2 (11.8%)
Humaan metapneumovirus	0 (0%)	0 (0%)
Enterovirus	0 (0%)	0 (0%)
Rhinovirus	1 (5%)	1 (5.9%)
Seizoenscoronavirussen	0 (0%)	0 (0%)
SARS-CoV-2	0 (0%)	2 (11.8%)
Parainfluenzavirussen	0 (0%)	1 (5.9%)
Adenovirus	1 (5%)	1 (5.9%)

Sinds week 40 werden in de virologische weekstaten 1623 infecties met influenzavirus gerapporteerd, waarvan 1513 (93%) met influenza A en 110 (7%) met influenza B virus (figuur 5). Door de diagnostiek laboratoria (deels overlappend met de weekstaten) werden 359 (92%) influenza A virus positieve en 32

(8%) influenza B virus positieve monsters ingestuurd naar het Nationaal Influenza Centrum. Van de 183 gesubtypeerde influenza A virussen waren dit 125 (68%) influenza A(H1N1)pdm09 en 58 (32%) A(H3N2) virussen, terwijl er 176 (nog) niet werden gesubtypeerd (figuur 4). In Infectieradar werden sinds week 40 46 influenzavirussen gevonden, 40 keer influenza A virus, waarvan 26 keer (65%) A(H1N1)pdm09 virus en 14 keer A(H3N2) virus (35%). Van de zes influenza B virussen behoorden drie virussen tot de Victoria-lijn gevonden, van drie anderen kan de genetische lijn niet bepaald worden vanwege lage hoeveelheid virus in het monster (figuur 6).

Viruskarakterisering seizoen 2024-2025

Vanaf week 40 werden dit seizoen 178 influenzavirussen uit de peilstations, diagnostiek laboratoria en Infectieradar door middel van sequencing genetisch gekarakteriseerd en via [GISAID](#) gedeeld. Van de 113 Nederlandse influenza A(H1N1)pdm09 virussen behoren 110 virussen tot clade 5a.2a subclade C.1.9 en drie tot clade 5a.2a.1 subclade D (figuur 7) waartoe ook de vaccinstam behoort. Binnen beide subclades werden enkele virussen gedetecteerd met veranderingen in de hemagglutinine eiwitsequenties ten opzichte van de vaccinstam welke mogelijk van invloed kunnen zijn op herkenning door antistoffen gericht tegen vaccincomponenten. De 57 A(H3N2) virussen vallen in clade 2a.3a.1 (figuur 8). De in Nederland gedetecteerde A(H1N1)pdm09 virussen vallen binnen subclades J.2, J.2.1, J.2.2 en J.4. Ook hier werden enkele virussen gedetecteerd, in subclades J.2 en J.4, die op basis van sequentieanalyse mogelijk niet goed worden herkend door antilichamen opgewekt tegen de vaccinstam. De 8 influenza B virussen met sequentie-data behoren allen tot clade V1A.3a.2 van de Victoria-lijn, waarbij virussen die mogelijk kunnen ontsnappen aan antilichaamherkenning werden gedetecteerd in subclades C.5.6 en C.5.7 (figuur 9). In hoeverre de genetische diversiteit bijdraagt aan mogelijke antigene verschillen ten opzichte van het vaccin voor dit seizoen wordt momenteel onderzocht.

De huidige situatie elders

In verband met de recente feestdagen zijn de cijfers voor influenza activiteit in Europa van afgelopen week niet beschikbaar. (Bron: [WHO en ECDC](#)). In de Verenigde Staten en Canada neemt de influenza activiteit de afgelopen weken net als in Nederland toe maar recente data zijn ook daar in verband met de afgelopen feestdagen nog niet beschikbaar (Bron: [CDC FluView](#), [Canada Govt](#)).

Grafieken Nivel, EMC en RIVM

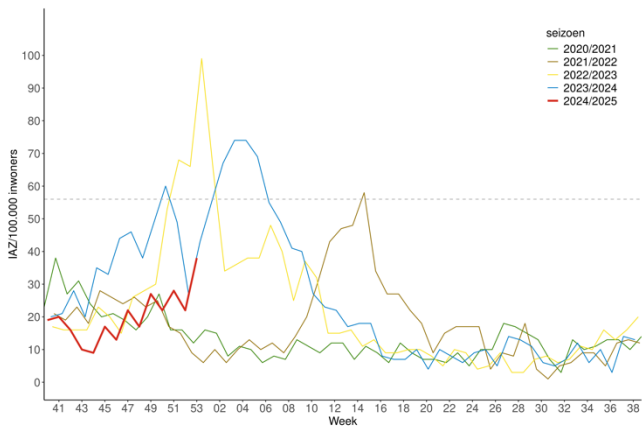


Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ in 2020-2025 per week en per 100.000 inwoners. De stippelijijn geeft de drempel voor verhoogde activiteit weer (bron: Nivel).

Grafieken Nivel, EMC en RIVM

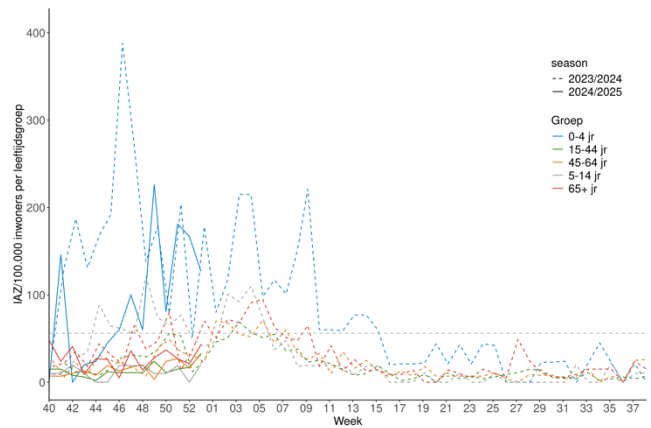


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ in 2024/2025 en 2023/2024 per week en per 100.000 inwoners, weergegeven per leeftijdsgroep (bron: Nivel).

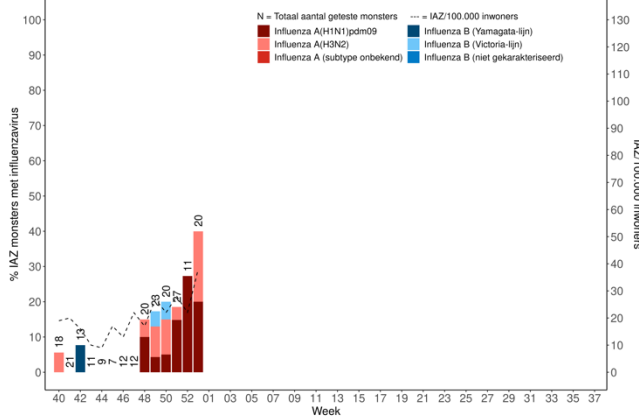


Fig. 3. Percentage monsters van huisartspatiënten met een IAZ waarin influenzavirus werd aangetroffen (y-as links), met het totaal aantal geteste monsters numeriek weergegeven per week van monsterafname. De incidentie van IAZ per week en per 100.000 inwoners is weergegeven als stippelijijn (y-as rechts)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

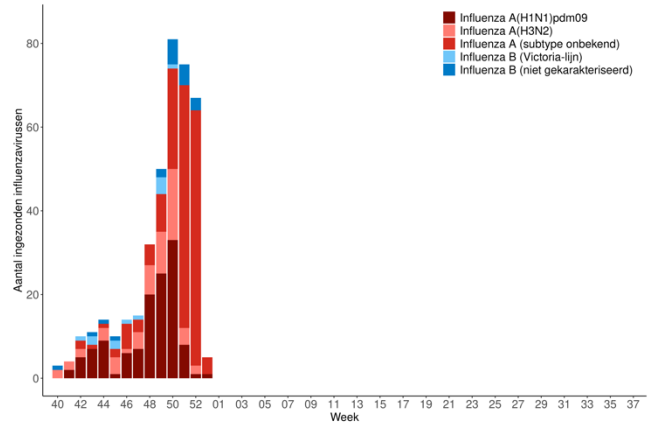


Fig. 4. Aantallen getypeerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria opgestuurde influenzavirus positieve monsters per week van monsterafname. Door het insturen van een selectie van influenzavirus positieve monsters is kwantitatieve interpretatie niet mogelijk en lopen typeringen enigszins achter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

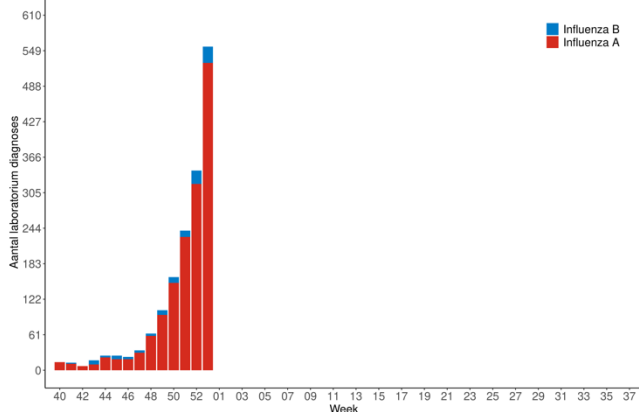


Fig. 5. Aantallen diagnoses van influenzavirusinfecties gerapporterd door de diagnostiek laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten per week van diagnose. De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie nog niet alle laboratoria hun data hebben gerapporterd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

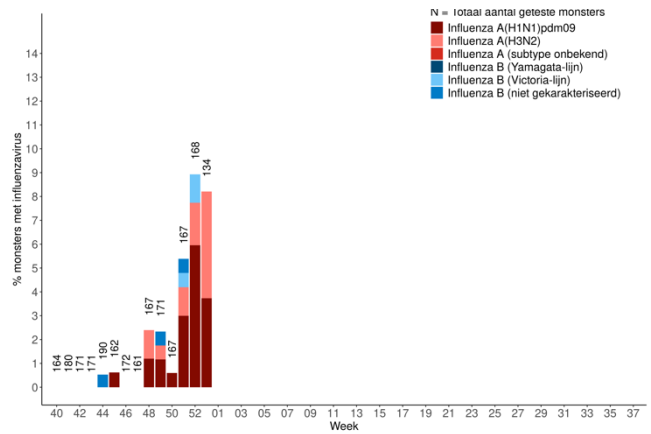


Fig. 6. Percentage monsters, afgenomen bij deelnemers aan de Infectieradar met klachten passend bij een acute luchtweginfectie, waarin influenzavirus werd aangetroffen per week van monsterafname. Het totaal aantal geteste monsters is numeriek weergegeven per week (bron: Infectieradar RIVM).

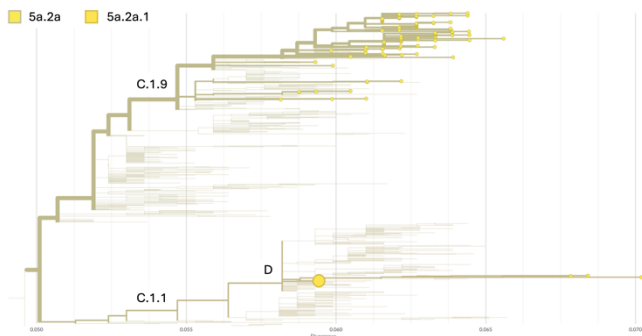
Stambomen

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. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse A(H1N1)pdm09 virussen van 2024/2025 vallen in clade 5a.2a. Bron: Nextstrain, met dank aan GISAID.

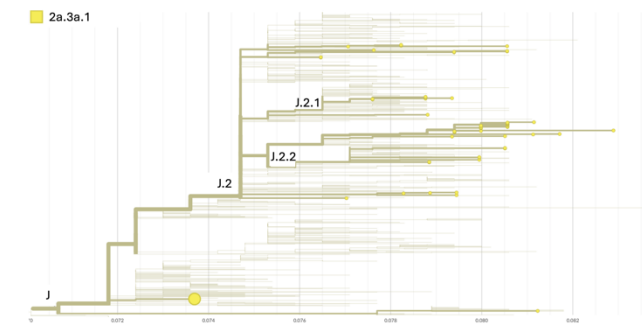


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse A(H3N2) virussen van 2024/2025 vallen in clade 2a.3a.1. Bron: Nextstrain, met dank aan GISAID.

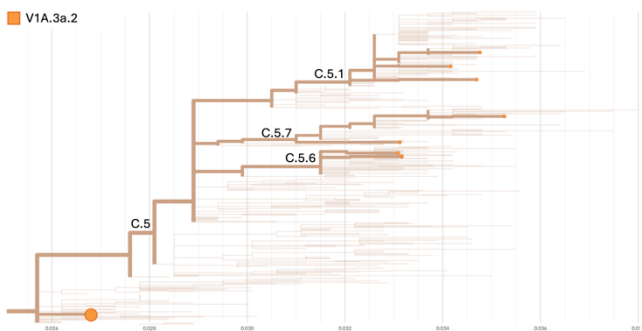


Fig. 9. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse B virussen van 2024/2025 vallen in clade V1A.3a.2. Bron: Nextstrain, met dank aan GISAID.

Samenstelling van het influenzavaccin voor 2024/2025

- A/Victoria/4897/2022-achtig A(H1N1)pdm09 virus;
 - A/Thailand/8/2022-achtig A(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.

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. Marion Koopmans, directeur Nationaal Influenza Centrum

Prof. dr. Ron Fouchier

Dr. Björn Koel

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

Dr. Adam Meijer

Dr. Dirk Eggink

Dr. Marit de Lange

Dr. Anne Teirlinck

Drs. Maxime Hartwig

Drs. Jasper van den Brink

Drs. Eline in 't Veld

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. 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>