

# Aantal mensen met griep neemt af, epidemie nog op medium niveau

## Nieuwsbrief influenza surveillance 2024-2025

### Epidemiologische influenzasituatie in Nederland

In week 8 van 2025 rapporteerden de huisartsen van de Nivel peilstations 87 patiënten met influenza-achtig ziektebeeld (IAZ) per 100.000 inwoners (figuur 1, bron: [Nivel](#)). Vanaf week 6 is er een afname te zien in de IAZ-incidentie, maar deze blijft nog steeds boven de grenswaarde voor verhoogde IAZ-activiteit (53 op de 100.000) in de huisartsenpraktijk. De intensiteit van IAZ in de huisartsenpraktijk voor alle leeftijdsgroepen samen bevindt zich op matig (medium) niveau. Het is de zesde achtereenvolgende week dat er een griepepidemie in Nederland is. Naast het griepvirus werden ook andere virussen gedetecteerd, zoals het respiratoir syncytieel virus, rhinovirus, seizoenscoronavirussen, en SARS-CoV-2 in monsters uit alle surveillance bronnen (Bron: [RIVM](#)).

### Influenzavirusdetecties

In de monsters afgenomen door peilstationhuisartsen in week 8 van 2025 werd bij 31 patiënten met een IAZ 14 keer (45%) influenzavirus gevonden. In 12 monsters van patiënten met een andere acute respiratoire infectie (ARI) werd 6 keer (50%) influenzavirus gevonden. Zie onderstaande tabel en figuur 3. Sinds week 40 in 2024 is in de 1125 door peilstations ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of andere ARI 145 keer A(H1N1)pdm09 virus, 187 keer influenza A(H3N2) virus, en 52 keer influenza B virus van de Victoria-lijn aangetoond. Van 9 influenza A virussen kon het subtype niet worden vastgesteld vanwege lage hoeveelheid virus in het monster.

Virus	IAZ (N=31)	Andere ARI (N=12)
Influenza A(H1N1)pdm09	2 (6.5%)	1 (8.3%)
Influenza A(H3N2)	12 (38.7%)	3 (25%)
Influenza A (subtype onbekend)	0 (0%)	0 (0%)
Influenza B (Victoria-lijn)	0 (0%)	2 (16.7%)
respiratoir syncytieel virus	1 (3.2%)	2 (16.7%)
Humaan metapneumovirus	1 (3.2%)	0 (0%)
Enterovirus	0 (0%)	0 (0%)
Rhinovirus	1 (3.2%)	0 (0%)
Seizoenscoronavirussen	3 (9.7%)	1 (8.3%)
SARS-CoV-2	0 (0%)	1 (8.3%)
Parainfluenzavirussen	0 (0%)	0 (0%)
Adenovirus	0 (0%)	0 (0%)

Sinds week 40 in 2024 werden in de virologische weekstaten 11.748 infecties met influenzavirus gerapporteerd, waarvan 10.712 (91%) met influenza A en 1036 (9%) met influenza B virus (figuur 5). Door de diagnostieklaboratoria (deels overlappend met de weekstaten) werden 1289 (82%) influenza A virus positieve en 277 (18%) influenza B virus positieve monsters ingestuurd naar het Nationaal Influenza Centrum. Van de 646 gesubtypeerde influenza A virussen waren dit 414 (64%) influenza A(H1N1)pdm09 en 232 (36%) A(H3N2) virussen, terwijl er 643 (nog) niet werden gesubtypeerd (figuur 4). De 123 gekarakteriseerde influenza B virussen behoren allen tot de

Victoria-lijn. Van 154 influenza B virussen is de genetische lijn (nog) niet bepaald. In Infectieradar werden sinds week 40 in 2024 281 influenzavirussen gevonden, 242 keer influenza A virus, waarvan 126 keer (52%) A(H1N1)pdm09 virus en 116 keer A(H3N2) virus (48%). Van de 39 influenza B virussen behoorden 30 virussen tot de Victoria-lijn, van 9 anderen is de genetische lijn (nog) niet bepaald (figuur 6).

### Viruskarakterisering seizoen 2024-2025

Vanaf week 40 in 2024 werden dit seizoen 1072 influenzavirussen uit de peilstations, diagnostiek laboratoria en Infectieradar door middel van sequencing genetisch gekarakteriseerd en via [GISAID](#) gedeeld. Van de totaal 515 Nederlandse influenza A(H1N1)pdm09 virussen behoren er 468 tot clade 5a.2a subclade C.1.9 (waarvan 36 C.1.9.1, 379 C.1.9.3, en 7 C.1.9.4) terwijl er 47 tot subclade D (waarvan 2 in D.1, 42 in D.3, en 1 in D.5) van clade 5a.2a.1 behoren (figuur 7). De 420 Nederlandse A(H3N2) virussen vallen allen in clade 2a.3a.1. Hiervan behoren er 411 tot subclade J.2 (waarvan 20 tot J.2.1 en 47 tot J.2.2), 8 tot J.1.1 en een enkel virus in subclade J.4. De 137 influenza B virussen met sequentie-data behoren allen tot de Victoria-lijn clade V1A.3a.2, waarvan er respectievelijk 79 (vier uit Curaçao), 25, en 33 in subclades C.5.1, C.5.6 en C.5.7 vallen.

Vorige week meldden we dat de laatste weken tot en met week 6 bij ongeveer 16% van de genetisch geanalyseerde Nederlandse A(H3N2)-griepvirussen een virusvariant gevonden werd met twee aminozuurveranderingen in het hemagglutinine-eiwit (N158K + K189R) en dat eerste testresultaten erop wezen dat deze veranderingen ervoor kunnen zorgen dat deze variant veel minder goed wordt herkend door antistoffen die zijn aangemaakt na vaccinatie met de A(H3N2)-component van de grieprik. Deze bevinding werd middels testen met een uitgebreider panel van virussen met de N158K + K189R aminozuurveranderingen bevestigd. Data voor week 7 laten bovendien zien dat het percentage van deze dubbelmutant in de genetisch geanalyseerde Nederlandse A(H3N2)-virussen is opgelopen tot iets meer dan 24%.

Er zijn deze week geen nieuwe detecties van de H3N2 3+5 H1N1pdm09 virussen waarvan we afgelopen week melding maakten.

Ook de komende weken zullen we gedetailleerde analyses blijven uitvoeren op monsters verkregen uit de verschillende bronnen om de mogelijke opkomst en verspreiding van virusvarianten en gereassorteerde virussen te monitoren

Grafieken Nivel, EMC en RIVM

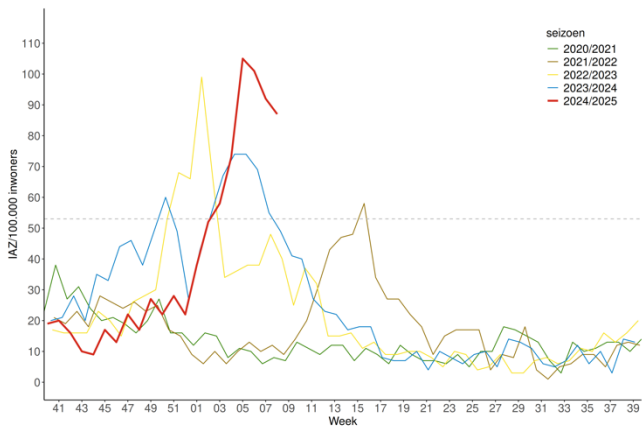


Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ in 2020-2025 per week en per 100.000 inwoners. De stippelijijn geeft de drempel voor verhoogde activiteit weer (bron: Nivel).

Grafieken Nivel, EMC en RIVM

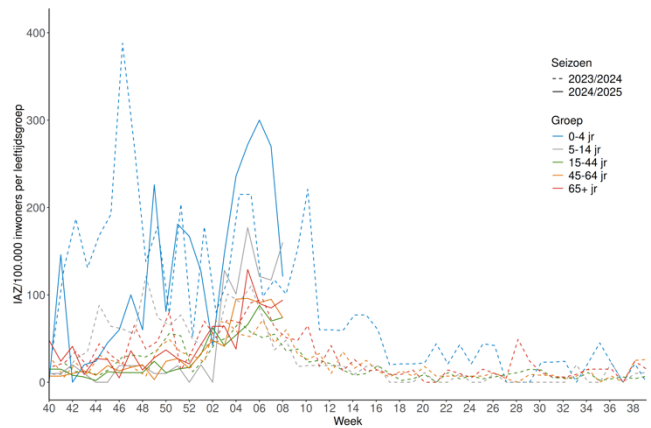


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ in 2024/2025 en 2023/2024 per week en per 100.000 inwoners, weergegeven per leeftijdsgroep (bron: Nivel).

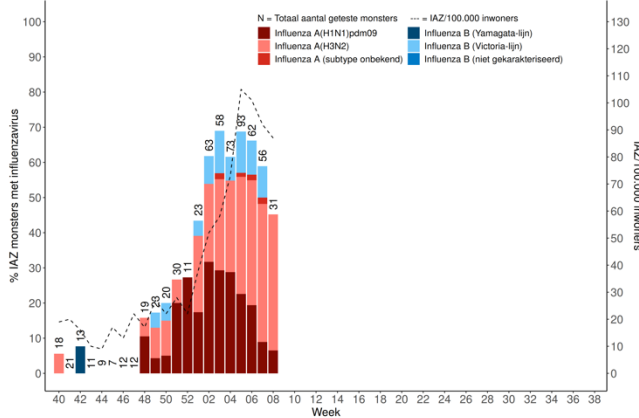


Fig. 3. Percentage monsters van huisartspatiënten met een IAZ waarin influenzavirus werd aangetroffen (y-as links), met het totaal aantal geteste monsters numeriek weergegeven per week van monsterafname. De incidentie van IAZ per week en per 100.000 inwoners is weergegeven als stippelijijn (y-as rechts)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

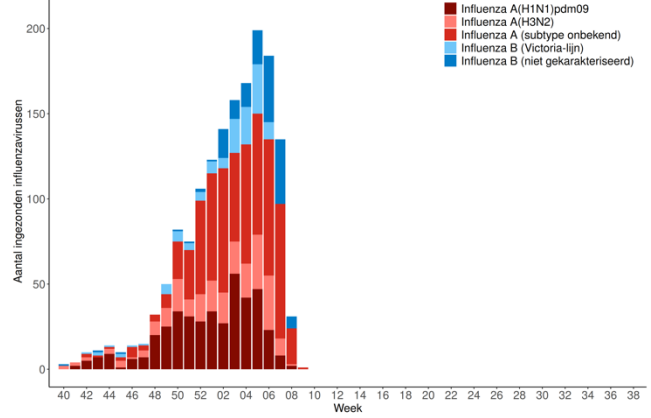


Fig. 4. Aantallen getypeerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria opgestuurde influenzavirus positieve monsters per week van monsterafname. Door het insturen van een selectie van influenzavirus positieve monsters is kwantitatieve interpretatie niet mogelijk en lopen typeringen enigszins achter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

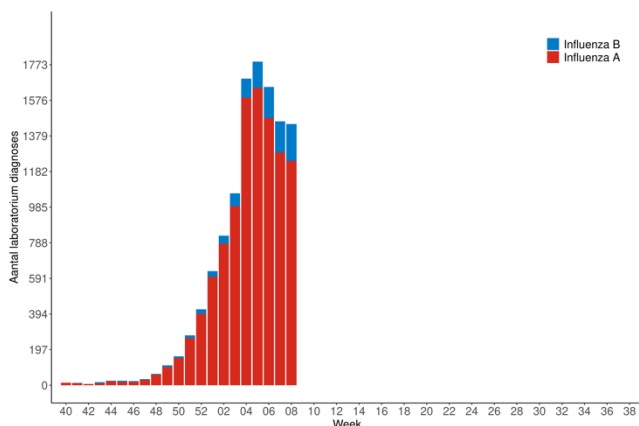


Fig. 5. Aantallen diagnoses van influenzavirusinfecties gerapporteerd door de diagnostiek laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten per week van diagnose. De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie nog niet alle laboratoria hun data hebben gerapporteerd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

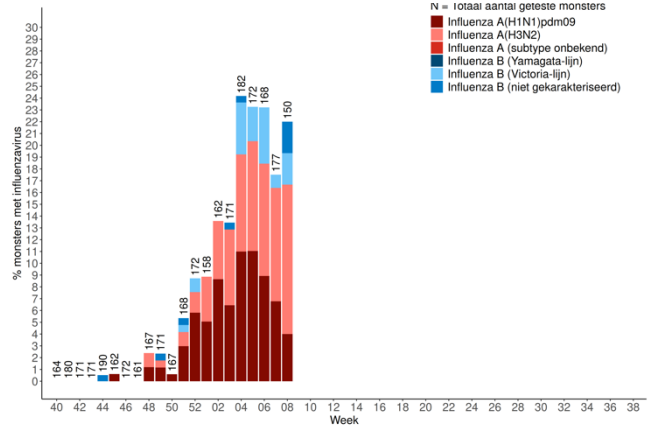


Fig. 6. Percentage monsters, afgenomen bij deelnemers aan de Infectieradar met klachten passend bij een acute luchtweginfectie, waarin influenzavirus werd aangetroffen per week van monsterafname. Het totaal aantal geteste monsters is numeriek weergegeven (bron: Infectieradar RIVM).

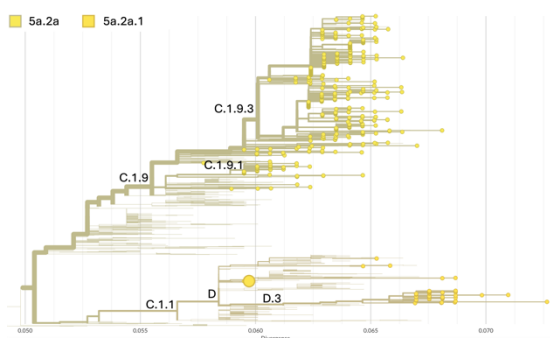
**Stambomen**

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.

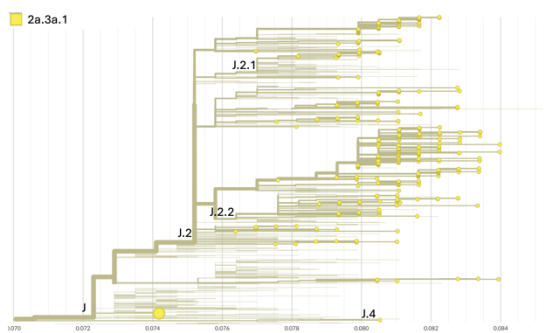


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse A(H3N2)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

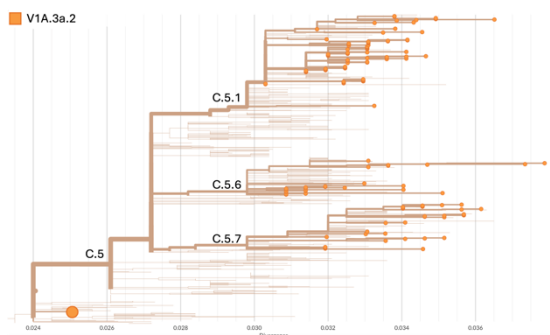


Fig. 9. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse 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. Marit de Lange  
Drs. Maxime Hartwig  
Drs. Eline in 't Velt

Dr. Dirk Eggink  
Dr. Anne Teirlinck  
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](mailto: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>