

Nog steeds griep in Nederland

Nieuwsbrief influenza surveillance 2024-2025

Epidemiologische influenzasituatie in Nederland

In week 9 van 2025 rapporteerden de huisartsen van de Nivel peilstations 56 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. De intensiteit van IAZ in de huisartsenpraktijk voor alle leeftijdsgroepen samen is in week 9 nog net boven de grenswaarde voor verhoogde IAZ-activiteit in de huisartsenpraktijk (53 op de 100.000). Het is de zevende achtereenvolgende week dat er een griepepidemie in Nederland is. Naast het griepvirus werden vooral respiratoir syncytieel virus en seizoenscoronavirussen gedetecteerd (Bron: [RIVM](#)).

Influenzavirusdetecties

In de monsters afgenomen door peilstationhuisartsen in week 9 van 2025 werd bij 33 patiënten met een IAZ 22 keer (67%) influenzavirus gevonden. In 14 monsters van patiënten met een andere acute respiratoire infectie (ARI) werd 4 keer (29%) influenzavirus gevonden. Zie onderstaande tabel en figuur 3. Sinds week 40 in 2024 is in de 1175 door peilstations ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of andere ARI 156 keer A(H1N1)pdm09 virus, 194 keer influenza A(H3N2) virus, en 62 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=33)	Andere ARI (N=14)
Influenza A(H1N1)pdm09	9 (27.3%)	2 (14.3%)
Influenza A(H3N2)	6 (18.2%)	0 (0%)
Influenza A (subtype onbekend)	0 (0%)	0 (0%)
Influenza B (Victoria-lijn)	7 (21.2%)	2 (14.3%)
respiratoir syncytieel virus	4 (12.1%)	2 (14.3%)
Humaan metapneumovirus	0 (0%)	1 (7.1%)
Enterovirus	0 (0%)	0 (0%)
Rhinovirus	1 (3%)	0 (0%)
Seizoenscoronavirussen	1 (3%)	2 (14.3%)
SARS-CoV-2	0 (0%)	0 (0%)
Parainfluenzavirussen	0 (0%)	0 (0%)
Adenovirus	0 (0%)	0 (0%)

Sinds week 40 in 2024 werden in de virologische weekstaten 12.768 infecties met influenzavirus gerapporteerd, waarvan 11.518 (90%) met influenza A en 1250 (10%) met influenza B virus (figuur 5). Door de diagnostieklaboratoria (deels overlappend met de weekstaten) werden 1445 (81%) influenza A virus positieve en 341 (19%) influenza B virus positieve monsters ingestuurd naar het Nationaal Influenza Centrum. Van de 726 gesubtypeerde influenza A virussen waren dit 459 (63%) influenza A(H1N1)pdm09 en 267 (37%) A(H3N2) virussen, terwijl er 719 (nog) niet werden gesubtypeerd (figuur 4). De 150 gekarakteriseerde influenza B virussen behoren allen tot de

Victoria-lijn. Van 191 influenza B virussen is de genetische lijn (nog) niet bepaald. In Infectieradar werden sinds week 40 in 2024 317 influenzavirussen gevonden, 271 keer influenza A virus, waarvan 129 keer (48%) A(H1N1)pdm09 virus en 142 keer A(H3N2) virus (52%). Van de 46 influenza B virussen behoorden 36 virussen tot de Victoria-lijn, van 10 anderen is de genetische lijn (nog) niet bepaald (figuur 6).

Viruskarakterisering seizoen 2024-2025

Vanaf week 40 in 2024 werden dit seizoen 1126 influenzavirussen uit de peilstations, diagnostiek laboratoria en Infectieradar door middel van sequencing genetisch gekarakteriseerd en via [GISAI](#) gedeeld. Van de totaal 526 Nederlandse influenza A(H1N1)pdm09 virussen behoren er 479 tot clade 5a.2a subclade C.1.9 (waarvan 37 C.1.9.1, 389 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 445 Nederlandse A(H3N2) virussen vallen allen in clade 2a.3a.1. Hiervan behoren er 435 tot subclade J.2 (waarvan 20 tot J.2.1 en 50 tot J.2.2), 9 tot J.1.1 en een enkel virus in subclade J.4. De A(H3N2)-virus dubbelmutant met aminozuurveranderingen N158K + K189R, die leidt tot verminderde herkenning door antistoffen opgewekt na vaccinatie met de A(H3N2)-component van de griepriek en waarover we de afgelopen weken hebben bericht, werd voor week 8 aangetroffen in 25% van de genetisch gekarakteriseerde virussen, vergeleken met 21% voor week 7. Deze variant wordt elders in Europa niet gedetecteerd en lijkt alleen in Nederland te circuleren. De 155 influenza B virussen met sequentie-data behoren allen tot de Victoria-lijn clade V1A.3a.2, waarvan er respectievelijk 91 (vier uit Curaçao), 26, en 38 in subclades C.5.1, C.5.6 en C.5.7 vallen.

Aanbeveling vaccinsamenstelling seizoen 2025/2026

Afgelopen week is in Geneve de WHO vergadering gehouden om de vaccincompositie voor het noordelijk halfrond voor seizoen 2025/2026 vast te stellen. Influenza A(H1N1)pdm09 virussen en influenza B virussen van de Victoria-lijn kwamen qua antigene eigenschappen goed overeen met de vaccincomponenten van het huidige seizoen. Daarom werd voor deze virussen geen update voorgesteld. Er circuleren wereldwijd simultaan meerdere antigeen verschillende A(H3N2) virus varianten, waaronder ook de N158K + K189R dubbelmutant in Nederland. Antisera gericht tegen de vaccinstam die werd aanbevolen voor het 2025 griepseizoen voor het Zuidelijk halfrond herkenden de meerderheid van de circulerende virussen goed. Deze vaccinstam wordt daarom ook aanbevolen voor het 2025/2026 Noordelijk halfrond seizoen. De aanbeveling komt daarmee op:

- 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);
- 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.

Grafieken Nivel, EMC en RIVM

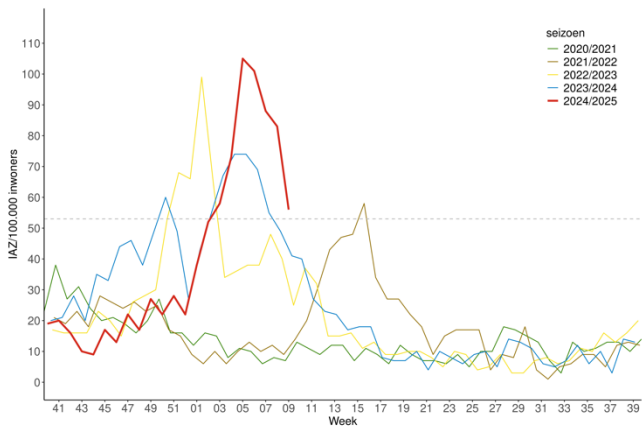


Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ in 2020-2025 per week en per 100.000 inwoners. De stippelijijn geeft de drempel voor verhoogde activiteit weer (bron: Nivel).

Grafieken Nivel, EMC en RIVM

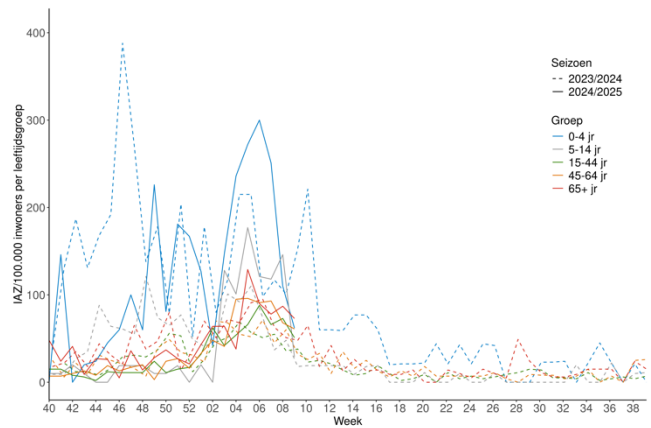


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ in 2024/2025 en 2023/2024 per week en per 100.000 inwoners, weergegeven per leeftijdsgroep (bron: Nivel).

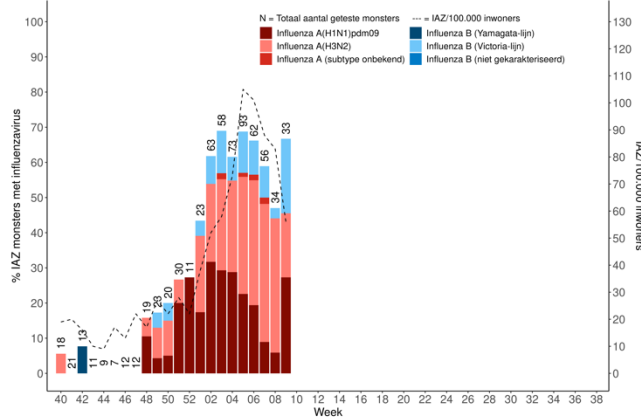


Fig. 3. Percentage monsters van huisartspatiënten met een IAZ waarin influenzavirus werd aangetroffen (y-as links), met het totaal aantal geteste monsters numeriek weergegeven per week van monsterafname. De incidentie van IAZ per week en per 100.000 inwoners is weergegeven als stippelijijn (y-as rechts)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

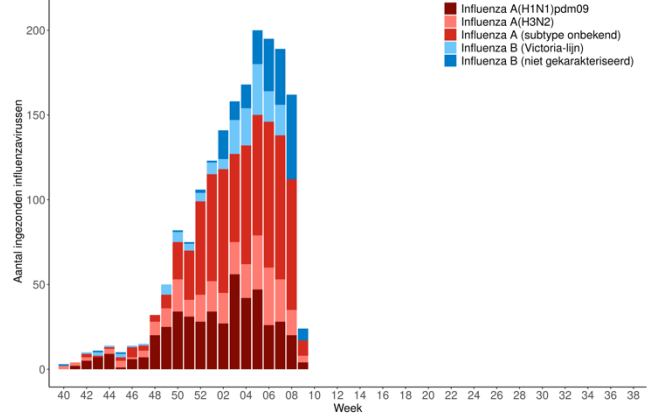


Fig. 4. Aantallen getypeerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria opgestuurde influenzavirus positieve monsters per week van monsterafname. Door het insturen van een selectie van influenzavirus positieve monsters is kwantitatieve interpretatie niet mogelijk en lopen typeringen enigszins achter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

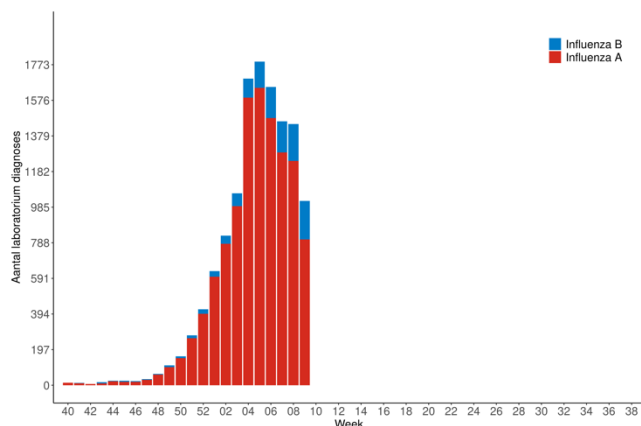


Fig. 5. Aantallen diagnoses van influenzavirusinfecties gerapporteerd door de diagnostiek laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten per week van diagnose. De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie nog niet alle laboratoria hun data hebben gerapporteerd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

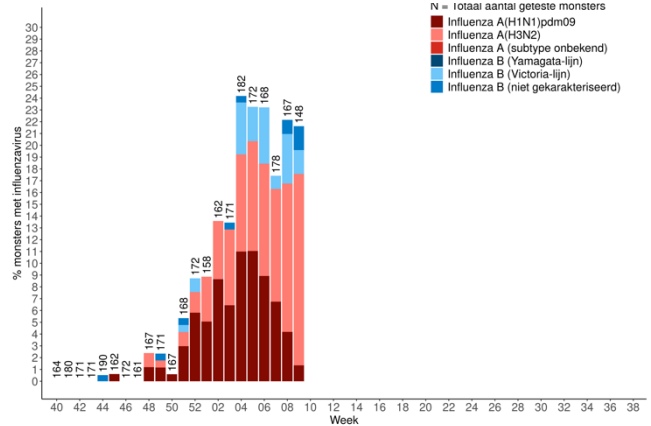


Fig. 6. Percentage monsters, afgenomen bij deelnemers aan de Infectieradar met klachten passend bij een acute luchtweginfectie, waarin influenzavirus werd aangetroffen per week van monsterafname. Het totaal aantal geteste monsters is numeriek weergegeven per week (bron: Infectieradar RIVM).

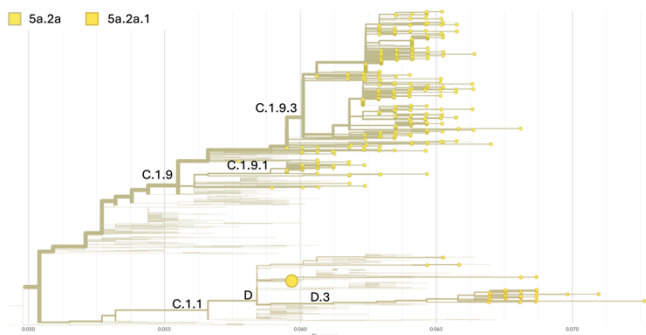
Stambomen

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.

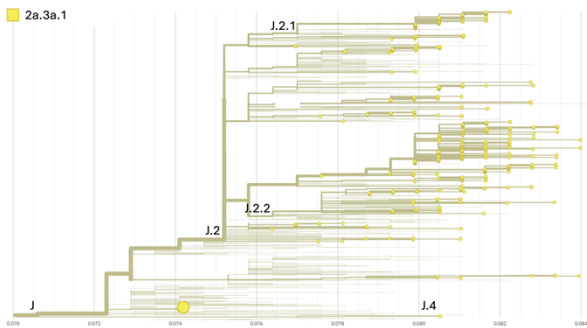


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse A(H3N2)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

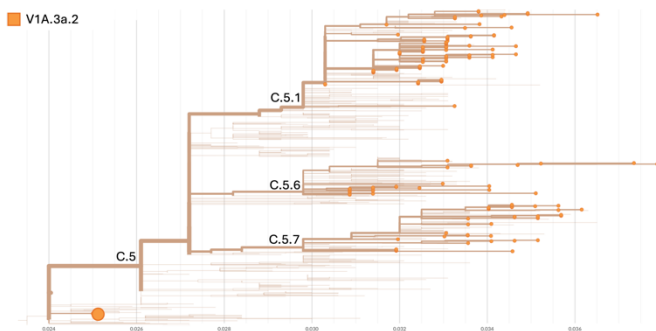


Fig. 9. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse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

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>