

# Griepepidemie 2024-2025 voorbij, nog wel influenzavirus detecties

## Nieuwsbrief influenza surveillance 2024-2025

### Epidemiologische influenzasituatie in Nederland

In week 12 van 2025 rapporteerden de huisartsen van de Nivel peilstations 31 patiënten met influenza-achtig ziektebeeld (IAZ) per 100.000 inwoners (figuur 1, bron: [Nivel](#)). Dit is een daling ten opzichte van week 11 en de derde achtereenvolgende week onder de drempel voor verhoogde IAZ-activiteit ([Nivel](#)). Er werden nog steeds influenzavirussen aangetroffen in monsters uit de verschillende bronnen (diagnostiek laboratoria, peilstations en infectieradar), maar de aantallen ingestuurde monsters en het aandeel monsters positief voor influenzavirus worden steeds lager. De griepepidemie van seizoen 2024-2025 is daarmee ten einde gekomen. Vanaf week 3 in 2025 was de IAZ-incidentie zes weken boven de grenswaarde, met een maximum van 105 per 100,000 inwoners in week 5. In verscheidene Nederlandse media werd gemeld dat er niet eerder zoveel griepgevallen waren, maar in werkelijkheid past de griepepidemie van 2024-2025 in het beeld van griepepidemieën in deze eeuw van voor de corona pandemie. De griepepidemie duurde in totaal negen weken. Hoewel we niet langer spreken van een griepepidemie, is het griepvirus niet helemaal verdwenen. Vooral influenza B virussen werden in week 12 van 2025 nog regelmatig gedetecteerd in monsters van huisartspatiënten. Daarnaast werden ook andere respiratoire virussen gedetecteerd, namelijk respiratoir syncytieel virus, rhinovirus, seizoenscoronavirussen, en adenovirus (Bron: [RIVM](#)).

### Influenzavirusdetecties

In de monsters afgenomen door peilstationhuisartsen in week 12 van 2025 werd bij 19 patiënten met een IAZ 7 keer (37%) influenzavirus gevonden. In 8 monsters van patiënten met een acute respiratoire infectie (ARI) werd 3 keer (38%) influenzavirus gevonden. Zie onderstaande tabel en figuur 3. Sinds week 40 in 2024 is in de 1276 door peilstations ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of andere ARI 168 keer A(H1N1)pdm09 virus, 208 keer influenza A(H3N2) virus en 84 keer influenza B virus van de Victoria-lijn aangetoond. Van 10 influenza A virussen kon het subtype niet worden vastgesteld vanwege de lage hoeveelheid virus in het monster.

Virus	IAZ (N=19)	Andere ARI (N=8)
Influenza A(H1N1)pdm09	0 (0%)	2 (25%)
Influenza A(H3N2)	1 (5.3%)	0 (0%)
Influenza A (subtype onbekend)	0 (0%)	0 (0%)
Influenza B (Victoria-lijn)	6 (31.6%)	1 (12.5%)
Respiratoir syncytieel virus	1 (5.3%)	0 (0%)
Humaan metapneumovirus	0 (0%)	0 (0%)
Enterovirus	0 (0%)	0 (0%)
Rhinovirus	1 (5.3%)	1 (12.5%)
Seizoenscoronavirussen	2 (10.5%)	1 (12.5%)
SARS-CoV-2	0 (0%)	0 (0%)
Parainfluenzavirussen	0 (0%)	0 (0%)
Adenovirus	1 (5.3%)	1 (12.5%)

Sinds week 40 in 2024 werden in de virologische weekstaten 15.130 infecties met influenzavirus gerapporteerd, waarvan 13.363 (88%) met influenza A en 1667 (12%) met influenza B virus (figuur 5). Door de diagnostiek laboratoria (deels overlappend met de weekstaten) werden 1662 (79%) influenza A virus positieve en 441 (21%) influenza B virus positieve monsters ingestuurd naar het Nationaal Influenza Centrum. Van de 832 gesubtypeerde influenza A virussen waren dit 487 (59%) influenza A(H1N1)pdm09 en 345 (41%) A(H3N2) virussen, terwijl er 830 (nog) niet werden gesubtypeerd (figuur 4). De 330 gekarakteriseerde influenza B virussen behoren allen tot de Victoria-lijn. Van 111 influenza B virussen is de genetische lijn (nog) niet bepaald. In Infectieradar werden sinds week 40 in 2024 368 influenzavirus infecties gevonden, 309 keer influenza A virus, waarvan 141 keer (46%) A(H1N1)pdm09 virus en 166 keer A(H3N2) virus (54%). Van de 59 influenza B virussen behoorden 51 virussen tot de Victoria-lijn, van 8 anderen is de genetische lijn (nog) niet bepaald (figuur 6).

### Viruskarakterisering seizoen 2024-2025

Vanaf week 40 in 2024 werden dit seizoen 1421 influenzavirussen uit de peilstations, diagnostiek laboratoria en Infectieradar door middel van sequencing genetisch gekarakteriseerd en via [GISAID](#) gedeeld. Van de totaal 594 Nederlandse influenza A(H1N1)pdm09 virussen (3 uit Bonaire, 3 uit Sint Maarten) behoren er 535 tot clade 5a.2a subclade C.1.9 (waarvan 52 in C.1.9, 42 C.1.9.1, 434 C.1.9.3, en 7 C.1.9.4) terwijl er 59 tot subclade D (waarvan 2 in D, 2 in D.1, 54 in D.3, en 1 in D.5) van clade 5a.2a.1 behoren (figuur 7). De 597 Nederlandse A(H3N2) virussen (7 uit Bonaire) vallen allen in clade 2a.3a.1. Hiervan behoren er 586 tot subclade J.2 (waarvan 481 tot J.2, 25 tot J.2.1 en 80 tot J.2.2), 10 tot J.1.1 en een enkel virus in subclade J.4. Het aandeel van 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 grieprik, nam sinds de eerste detectie toe tot ongeveer 25%, maar lijkt na een daling naar rond de 10% nu weer iets toe te nemen, al is door de afnemende aantallen deze trend lastig vast te stellen. De 230 influenza B virussen (2 uit Sint Maarten, 4 uit Curaçao) met sequentie-data behoren allen tot de Victoria-lijn clade V1A.3a.2, waarvan er respectievelijk 136, 44, en 50 in subclades C.5.1, C.5.6 en C.5.7 vallen.

### WHO aanbeveling vaccinsamenstelling voor 2025-2026

- 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)

In Nederland volgt het Nationaal Programma Grieppreventie in de regel dit WHO-advies. Vanaf seizoen 2025/2026 zal een trivalent griepvaccin worden gebruikt.

Grafieken Nivel, EMC en RIVM

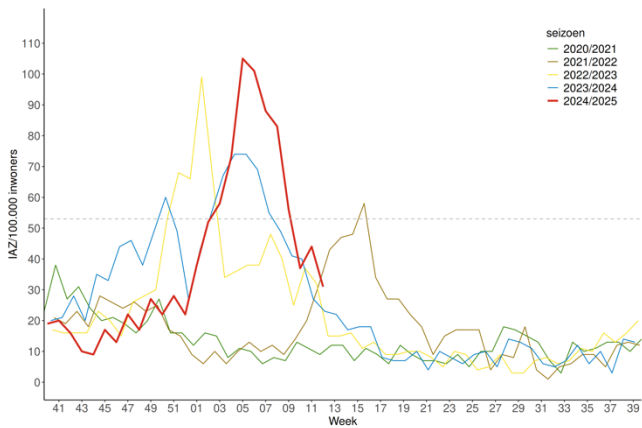


Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ in 2020-2025 per week en per 100.000 inwoners. De stippelijijn geeft de drempel voor verhoogde activiteit weer (bron: Nivel).

Grafieken Nivel, EMC en RIVM

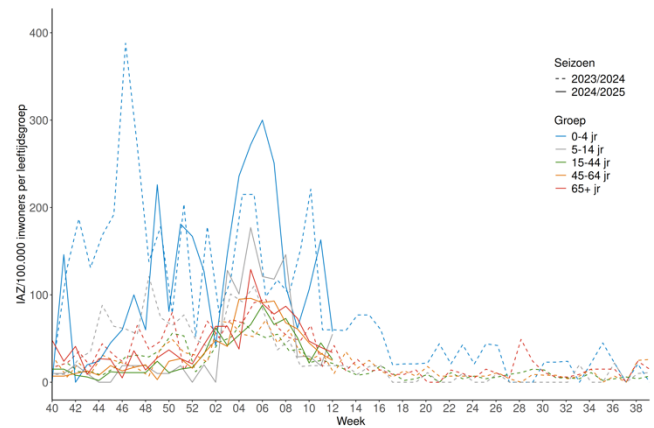


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ in 2024/2025 en 2023/2024 per week en per 100.000 inwoners, weergegeven per leeftijdsgroep (bron: Nivel).

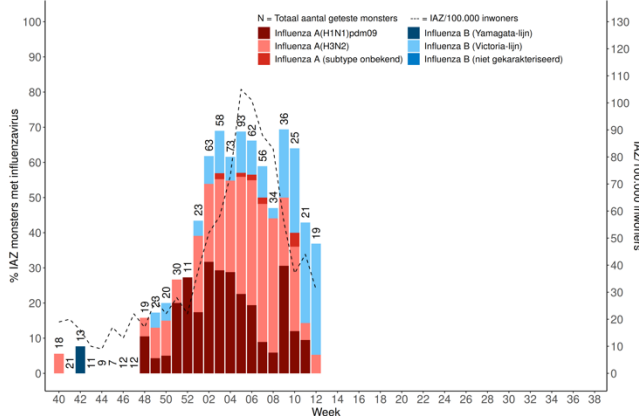


Fig. 3. Percentage monsters van huisartspatiënten met een IAZ waarin influenzavirus werd aangetroffen (y-as links), met het totaal aantal geteste monsters numeriek weergegeven per week van monsterafname. De incidentie van IAZ per week en per 100.000 inwoners is weergegeven als stippelijijn (y-as rechts)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

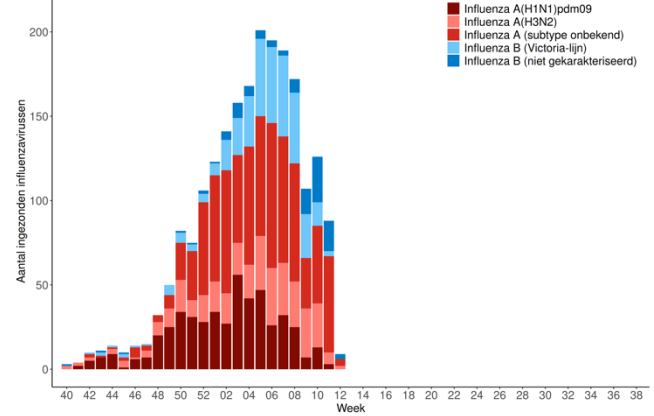


Fig. 4. Aantallen getypeerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria opgestuurde influenzavirus positieve monsters per week van monsterafname. Door het insturen van een selectie van influenzavirus positieve monsters is kwantitatieve interpretatie niet mogelijk en lopen typeringens enigszins achter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

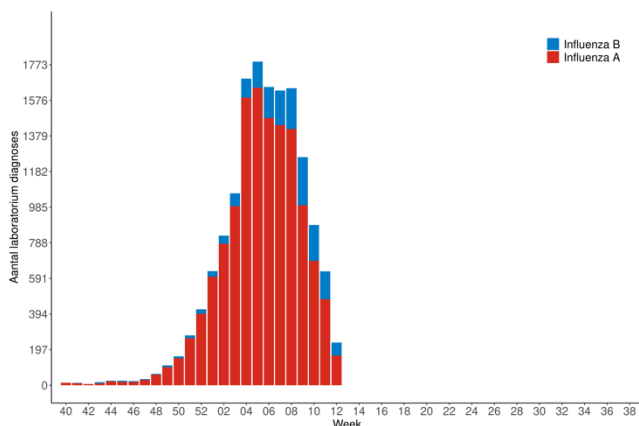


Fig. 5. Aantallen diagnoses van influenzavirusinfecties gerapporteerd door de diagnostiek laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten per week van diagnose. De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie nog niet alle laboratoria hun data hebben gerapporteerd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

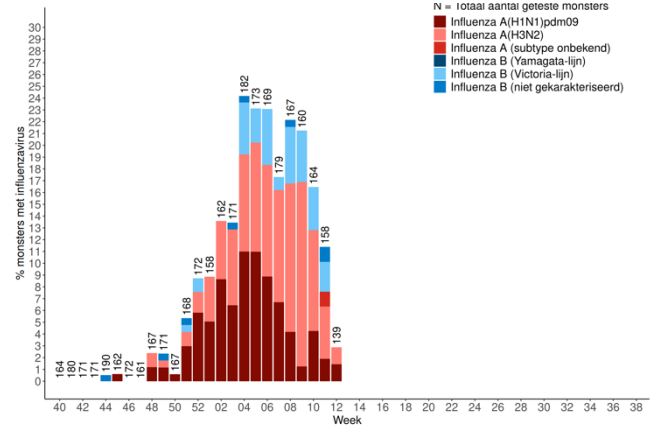


Fig. 6. Percentage monsters, afgenomen bij deelnemers aan de Infectieradar met klachten passend bij een acute luchtweginfectie, waarin influenzavirus werd aangetroffen per week van monsterafname. Het totaal aantal geteste monsters is numeriek weergegeven per week (bron: Infectieradar RIVM).

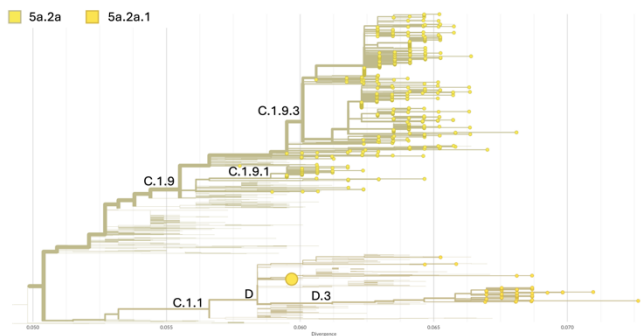
**Stambomen**

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.

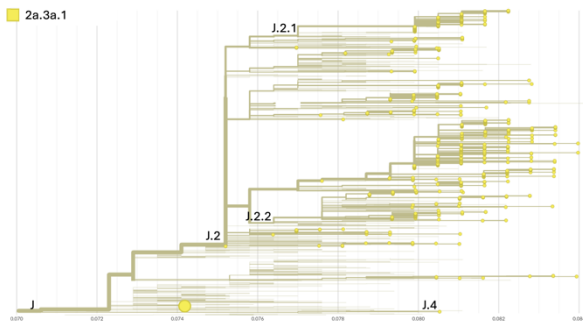


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse A(H3N2)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

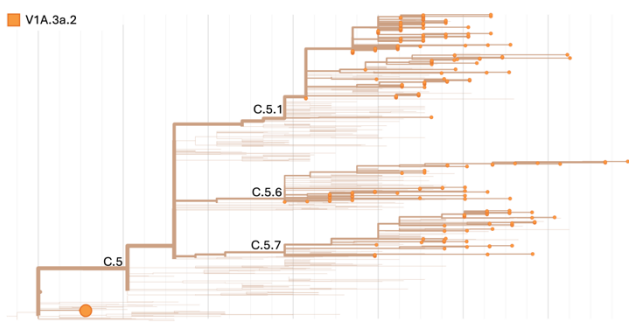


Fig. 9. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse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

**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](mailto: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 patienten 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>