

Korte griep epidemie 2019-2020 ten einde

Nieuwsbrief Influenza-Surveillance 2019-2020

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 9 van 2020 rapporteerden de Nivel peilstations 4,7 patiënten met influenza-achtig ziektebeeld (IAZ) per 10.000 inwoners (figuren 1 en 2). Daarmee ligt in twee opeenvolgende weken de IAZ incidentie onder de epidemische grens, waarmee de epidemie van 2019-2020 formeel ten einde is, na een relatief milde en korte epidemie van 3 weken. De afname in patiënten met IAZ over de afgelopen week is te zien in bijna alle leeftijdscategorieën (figuur 5). In week 9 werd nog wel in een fors deel van de bemonsterde patiënten een influenzavirus gedetecteerd (zie onder). Omdat er nog steeds influenzavirus circuleert en de winter nog niet ten einde is sluiten wij niet uit dat de epidemie nog een staartje gaat krijgen. Epidemieën met korte onderbrekingen, evenals relatief late epidemieën, hebben zich eerder voorgedaan in Nederland, zoals wij vorige week reeds berichtten. Dit is de laatste nieuwsbrief van dit seizoen, tenzij er nog bijzonderheden gaan voordoen.

Influenzavirusdetecties

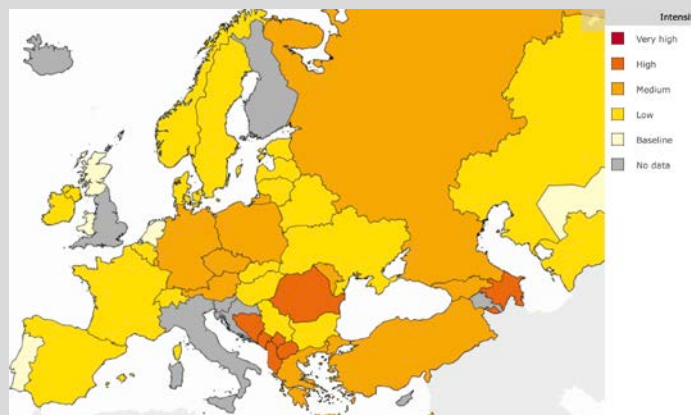
In week 9 van 2020 werd in de 24 door Nivel-peilstation-huisartsen afgenomen monsters van patiënten met een IAZ in 29% een influenzavirus gevonden: 3 keer (13%) een A(H1N1)pdm09 influenzavirus, 3 keer (13%) een A(H3N2) influenzavirus en 1 keer (4%) een type A influenzavirus van nog onbekend subtype (figuur 3). Daarnaast werd ook 1 maal rhinovirus gevonden. Ook in 26 patiënten met acute luchtweginfecties die in week 9 bemonsterd werden en die niet voldoen aan de IAZ definitie werd 2 keer een A(H1N1)pdm09 influenzavirus gevonden, 1 keer A(H3N2) influenzavirus, 1 keer type A influenzavirus van onbekend subtype en 1 keer rhinovirus. In alle in dit seizoen sinds week 40/2019 door de peilstations afgenomen influenzavirus-positieve monsters van IAZ-patiënten werd 62 keer (40%) een A(H1N1)pdm09 virus aangetroffen, 80 keer (51%) een A(H3N2) virus, 3 keer (2%) een type A virus (subtype onbekend), 10 keer (6%) een influenza B virus van de Victoria-lijn en 1 keer (1%) een influenza B virus van de Yamagata-lijn.

Van de 548 door diagnostische ziekenhuislaboratoria bij het NIC aangemelde influenzavirussen sinds week 40 waren er 538 (98%) van het A-type en 10 (2%) van het B-type (figuur 4). Van de 237 influenza A virussen waarvoor een ruime hoeveelheid virus werd ingestuurd behoorden er 147 (62%) tot het subtype A(H3N2) en 90 (38%) tot het subtype A(H1N1)pdm09. Van de influenza B virus positieve monsters werden er slechts 4 getypeerd, allen van de Victoria-lijn. De 46 monsters die vanuit St. Maarten werden ingestuurd betrof influenzavirus type A, waarvan de verder getypeerde monsters allen tot het A(H1N1)pdm09 subtype behoorden.

De diagnostische ziekenhuislaboratoria rapporteerden in de virologische weekstaten dit seizoen hoofdzakelijk type A in de influenzavirus-positieve monsters (figuur 6).

Genetische karakterisering van virussen

Van de A(H3N2) virussen die tot nu toe genetisch werden gekarakteriseerd behoorde tweederde tot clade 3C.3a net als vaccinam A/Kansas/14/2007 en eenderde tot clade 3C.2a1b, met diverse aminozuur substituties (figuur 7). De A(H1N1)pdm09 virussen behoren tot clade 6B.1A net zoals de vaccinam A/Brisbane/2/2018, maar ook met enige variatie (figuur 8). De B/Victoria virussen behoren tot clade 1A met een deletie van 3 aminozuren in het hemagglutinine, terwijl de B/Colorado/6/2017-achtige vaccinam een deletie van 2 aminozuren heeft.



De situatie elders

In **Europa** is de influenza-activiteit nauwelijks veranderd in de afgelopen week maar lijkt de griep in diverse landen over de piek heen te zijn (zie Figuur boven. Bron: [ECDC Flu News Europe](#)).

Vaccinsamenstelling voor het seizoen 2020-2021

Eind februari werd bij de WHO in Geneve een advies uitgebracht over de vaccinsamenstelling voor het Noordelijk halfrond voor 2020-2021. Voor drie van de vier vaccincomponenten werd een update aanbevolen. De component van de B/Yamagata-lijn bleef ongewijzigd omdat er wereldwijd nauwelijks nieuwe varianten werden waargenomen. De component van de B/Victoria-lijn werd gewijzigd naar een B/Washington/02/2019-achtig virus, omdat dit virus een deletie van drie aminozuren heeft in hemagglutinine, net als de overgrote meerderheid van de wereldwijd gevonden virussen van de B/Victoria lijn, die bepalend is voor de antigene eigenschappen. Als A(H1N1)pdm09 component werd een A/Guangdong-Maonan/SWL1536/2019-achtig virus aanbevolen dat net als het merendeel van de clade 5A virussen enkele aminozuur substituties in hemagglutinine heeft. Sera van gevaccineerde mensen reageerden minder goed met dit virus dan met de oude vaccinam. Voor de A(H3N2) component wordt niet langer een clade 3C.3a stam aanbevolen maar een clade 3C.2a1b A/Hong Kong/2671/2019-achtig virus, hoewel er nog altijd problemen zijn met ei-adaptatie van de A(H3N2) componenten en diversiteit binnen dit subtype (Bron: [WHO](#)).



Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreerde influenza-achtige ziektebeelden (IAZ) per 10.000 inwoners per regio in week 9 van 2020 (bron: Nivel).

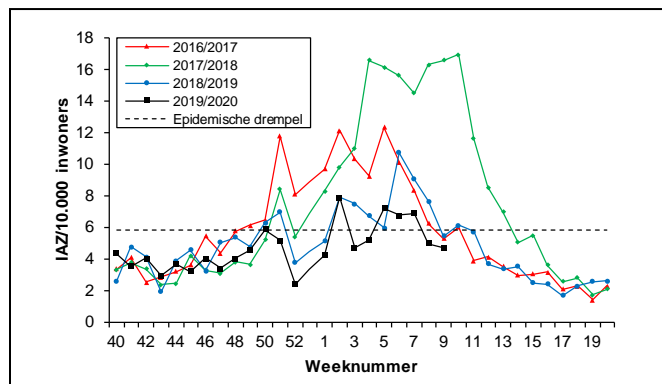


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen geregistreerde patiënten met IAZ in 2016-2020 per week en per 10.000 inwoners (bron: Nivel). De stippelijijn geeft de epidemische drempel weer.

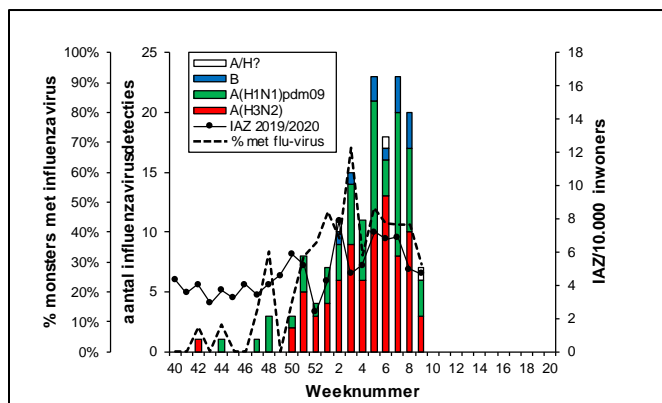


Fig. 3. Aantallen monsters van huisartspatiënten met een IAZ waarin influenzavirus is gedetecteerd en het percentage monsters waarin een influenzavirus werd aangetroffen (y-assen links), en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts) (bron: resp. RIVM en Nivel).

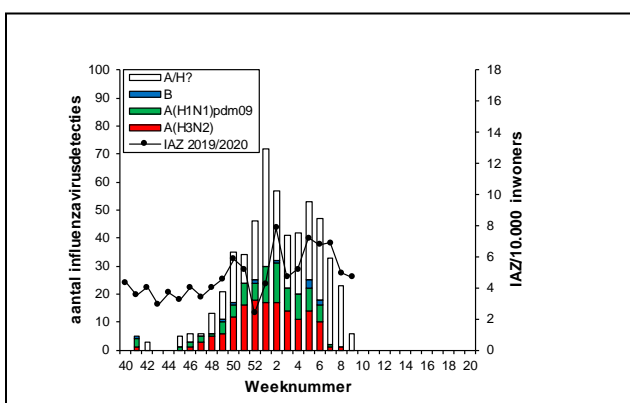


Fig. 4. Aantallen door Erasmus MC gedetecteerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria naar Erasmus MC opgestuurde monsters (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts) (bron: resp. EMC en Nivel).

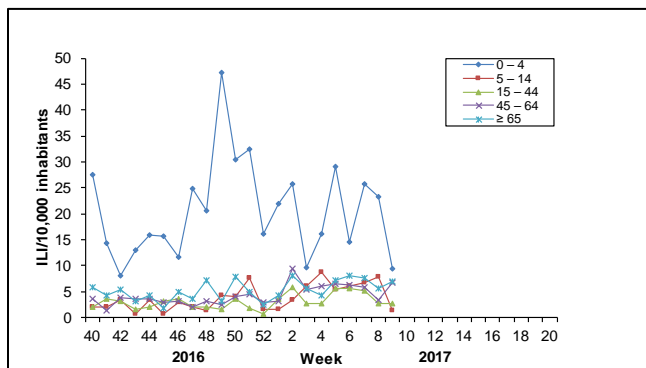


Fig. 5. Leeftijdverdeling van door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ per week en per 10.000 inwoners (bron: Nivel).

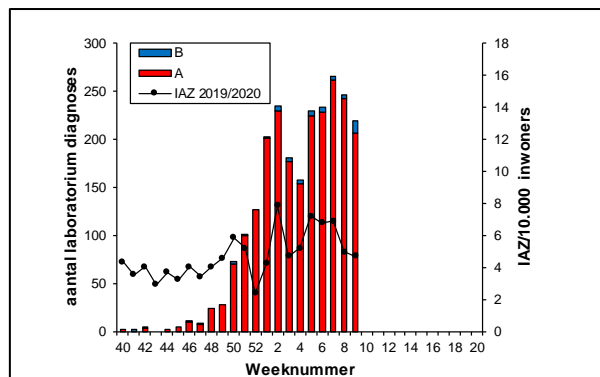


Fig. 6. Aantallen diagnoses van influenzavirus infecties gerapporteerd door de diagnostische laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten (y-as links) en incidentie van IAZ per week en per 10.000 inwoners (y-as rechts). De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie nog niet alle laboratoria hun data hebben gerapporteerd (bron: resp. virologische weekstaten en Nivel).

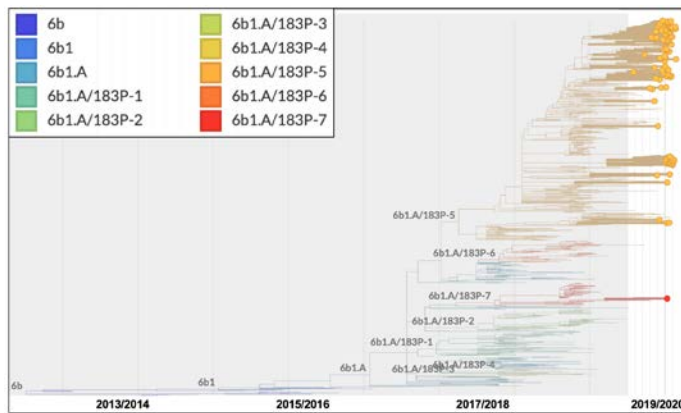
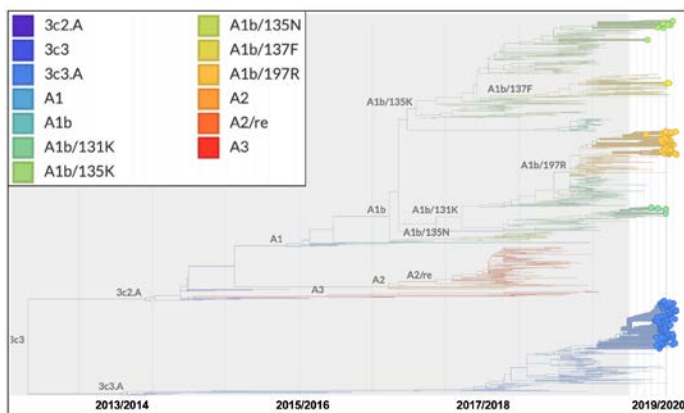


Fig. 7. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen uit Nederland en een kleine subset virussen van elders. De balletjes aan de rechterkant geven Nederlandse virussen van de laatste 6 maanden weer, de rest van de boom (links) gaat ongeveer 7 jaar terug in de tijd. Clades zijn weergegeven in kleuren (Bron: [Nextstrain](#), met dank aan Richard Neher en [GISAID](#)).

Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H1N1)pdm09 virussen uit Nederland en een kleine subset virussen van elders. De balletjes aan de rechterkant geven Nederlandse virussen van de laatste 6 maanden weer, de rest van de boom (links) gaat ongeveer 7 jaar terug in de tijd. Clades zijn weergegeven in kleuren (Bron: [Nextstrain](#), met dank aan Richard Neher en [GISAID](#)).

Samenstelling van het influenzavaccin voor het seizoen 2020/2021

- A/Guangdong-Maonan/SWL1536/2019-achtig H1N1pdm09 virus;
- A/Hong Kong/2671/2019-achtig H3N2 virus;
- B/Washington/02/2019-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.

Dankwoord Dit is de laatste nieuwsbrief van dit seizoen, tenzij zich onverwachte ontwikkelingen voordoen. Wij bedanken allen die op enigerlei wijze hebben bijgedragen aan de influenza-surveillance zeer hartelijk voor hun inspanningen en hopen ook volgend seizoen weer op hun inzet! Wij danken ook iedereen die genetische data voor influenzavirus beschikbaar heeft gesteld, zowel uit de virologische laboratoria als de sequencing laboratoria wereldwijd, alsmede [GISAID](#) die deze data aanbiedt via de Epiflu database. Wij danken [Nextstrain.org](#) medewerkers, in het bijzonder Richard Neher, voor de fylogenie.

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
 Drs. Marit de Lange
 Dr. Anne Teirlinck

Redactiesecretariaat:
 Maria Silva
 Nationaal Influenza Centrum

Aanmelden voor de Nieuwsbrief: 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/Onderwerpen/G/Griep/Surveillance/Stand_van_zaken_griep

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

Nieuwsbrief
 Influenza-Surveillance
 2019-2020