



STATUSRAPPORT FOR PERIODEN 15. APRIL - 20. OKTOBER 2024

## Høypatogen aviær influensa (HPAI) i Norge, Europa og globalt



Ung svartbak funnet i Øksnes, Nordland med nevrologiske tegn. Fuglen døde senere og fikk påvist HPAI H5N5. Foto: Anonym

### Utarbeidet av

Silje Granstad, Veterinærinstituttet  
Bjørnar Ytrehus, Veterinærinstituttet  
Grim Rømo, Veterinærinstituttet  
Morten Helberg, Birdlife Norge og Høgskolen i Østfold  
Johan Åkerstedt, Veterinærinstituttet  
Britt Gjerset, Veterinærinstituttet  
Cathrine Arnason Bøe, Veterinærinstituttet  
Malin Rokseth Reiten, Veterinærinstituttet  
Marie Myklatun Krosness, Veterinærinstituttet  
Ragnhild Tønnessen, Veterinærinstituttet

### Forslag til sitering

Granstad, Silje, Ytrehus, Bjørnar, Rømo, Grim, Helberg, Morten, Åkerstedt, Johan, Gjerset, Britt, Bøe, Cathrine Arnason, Reiten, Malin Rokseth, Krosness, Marie Myklatun, Tønnessen, Ragnhild. Høypatogen aviær influensa - HPAI i Norge, Europa og globalt: Statusrapport for perioden 15. april - 20. oktober 2024. Veterinærinstituttet 2024.

### Kvalitetssikret av

Merete Hofshagen, avdelingsdirektør dyrehelse, dyrevelferd og mattrygghet, Veterinærinstituttet

# Innhold

<b>1</b>	<b>Sammendrag</b> .....	<b>3</b>
<b>2</b>	<b>Fugleinfluensa i Norge</b> .....	<b>4</b>
	Om fugleinfluensa .....	4
	Påvisninger hos villfugl .....	4
	Påvisninger hos fjørfe .....	6
<b>3</b>	<b>Fugleinfluensa i Europa</b> .....	<b>7</b>
	Sverige .....	7
	Danmark .....	7
	Resten av Europa og globalt .....	7
<b>4</b>	<b>Fuglebevegelser</b> .....	<b>10</b>
<b>5</b>	<b>Smitte til andre dyr</b> .....	<b>11</b>
<b>6</b>	<b>Smitte til mennesker</b> .....	<b>13</b>
<b>7</b>	<b>Virusgenetikk</b> .....	<b>14</b>
<b>8</b>	<b>Vurdering</b> .....	<b>16</b>
<b>9</b>	<b>Anbefalinger</b> .....	<b>17</b>

# 1 Sammendrag

Antallet påvisninger av høypatogen aviær influensa (HPAI) i Europa var lavt i perioden april til september sammenlignet med de to foregående sesongene som var preget av omfattende utbrudd blant kolonihekkende sjøfugl. Det ble ikke observert tegn som tyder på utbrudd av fugleinfluensa i årets hekkesesong i Norge eller Europa for øvrig. De siste ukene har det blitt observert en økning i antall påvisninger blant villfugl langs kysten av Atlanterhavet, Nordsjøen og Østersjøen. Økningen tilskrives i hovedsak påvisninger hos sjøfugl.

Påvisninger av HPAI hos måkefugler og havørn fra september og oktober 2024 viser at HPAI H5N5 sirkulerer blant villfugl i Nord-Norge. Måkefugl som har hekket i de nordligste fylkene kan trekke sørover mellom oktober og desember. Dette øker risikoen for at smittede fugler kan nå sørligere områder. Det er viktig å overvåke måkefugler og andre villfugler gjennom høsten og vinteren for å følge utbredelsen av dette viruset.

Det har vært få tilfeller av HPAI hos fjørfe og andre fugler i fangenskap i Europa i løpet av sommermånedene. I Tyskland ble HPAI H7N5 påvist i en fjørfebesetning i Bad Bentheim nær grensen til Nederland i juni. Utbruddet vekket oppsikt fordi det påviste viruset ikke er relatert til noen av de hittil kjente, sirkulerende virusstammene blant villfugl i Europa. Øvrige utbrudd hos fjørfe og fugler i fangenskap har vært forårsaket av HPAI H5-virus (H5N1 eller H5Nx, dvs. virus som ikke er N-typet). Det har ikke vært nye utbrudd av HPAI i fjørfebesetninger og eller andre typer fuglehold i Norge siden februar 2024.

Mens virus av subtypen H5N5 igjen er aktuelle i Norge, er det subtypen H5N1 som på nåværende tidspunkt dominerer i Europa for øvrig. Det er flere genotyper av H5N1-virus som er aktuelle. Ved siden av genotypen EA-2022-BB (i tidligere statusrapporter omtalt som 'genotype BB') og andre varianter som allerede sirkulerer i Europa, har også genotypen EA-2023-DT blitt påvist i økende grad. Dette er en genotype som man basert på virusets genetiske sammensetning antar kan spre seg effektivt blant måkefugl.

I Europa ble det ikke rapportert om nye påvisninger av HPAI-virus hos pattedyr i perioden 15. juni til 23. september. Derimot steg antallet berørte melkekubesetninger i USA, og HPAI-virus ble påvist hos nye pattedyrarter i Nord-Amerika.

*Takk til Mattilsynet, Folkehelseinstituttet og medarbeidere ved Veterinærinstituttet for bidrag til data og kvalitetssikring av denne rapporten.*

## 2 Fugleinfluensa i Norge

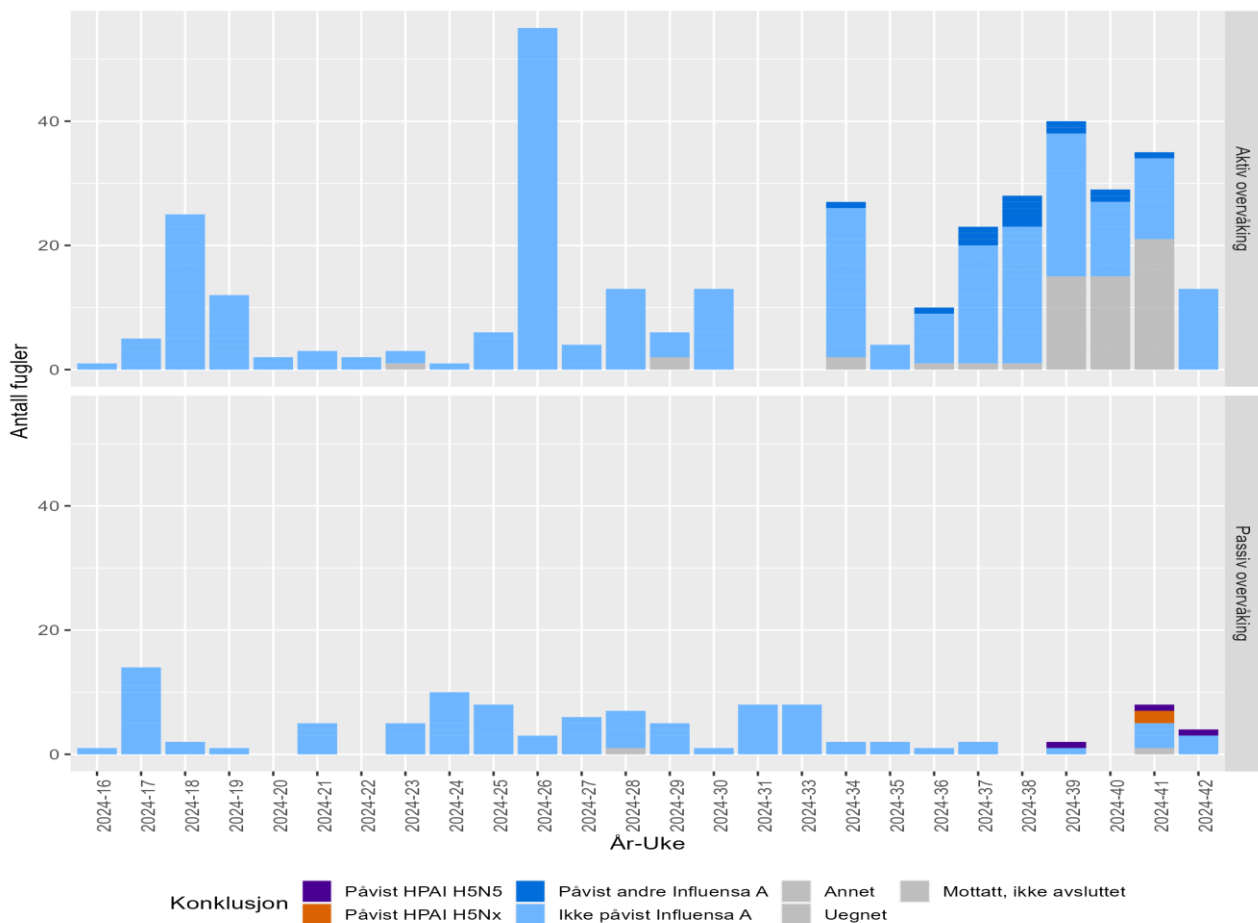
### Om fugleinfluensa

Fugleinfluensa (aviær influensa) forårsakes av influensa A-virus og er en smittsom virus sykdom som kan ramme en rekke fuglearter. Ulike varianter av fugleinfluensavirus fører til sykdom av forskjellig alvorlighetsgrad. Det er vanlig å gruppere sykdommen i en svært sykdomsfremkallende form (høypatogen aviær influensa, HPAI) og en mindre alvorlig form (lavpatogen aviær influensa, LPAI). Den mest alvorlige formen kan forårsake svært høy dødelighet hos fjørfe og villfugl.

Høypatogen aviær influensa er en liste 1-sykdom. Ved mistanke om eller påvisning av denne sykdommen skal Mattilsynet varsles umiddelbart. Viruset kan smitte gjennom kontakt med avføring eller sekret fra luftveiene til affiserte dyr. Indirekte smitte kan skje via kontaminert fôr, vann, utstyr, innredning, kjøretøy og lignende.

### Påvisninger hos villfugl

Sett i forhold til samme periode i fjor har dette halvåret vært stille og rolig når det gjelder sykdom og dødelighet på viltlevende fugler. I perioden fra og med april til og med september, altså i hele hekkesesongen, ble det ikke observert tegn som tyder på utbrudd av fugleinfluensa. Veterinærinstituttet fikk da tilsendt relativt få prøver og alle var negative. Fra 15. april til 20. oktober 2024 har Veterinærinstituttet undersøkt prøver fra 466 fugler (figur 1).



Figur 1. Ukentlig antall prøver fra villfugl undersøkt for aviært influensavirus (AIV) i Norge fra uke 16 til og med uke 42 i 2024.

Veterinærinstituttet deltar sammen med Folkehelseinstituttet i det EU-finansierte prosjektet One Health for Surveillance (OH4S). Dette treårige prosjektet har som mål å etablere og forbedre overvåkingen av sykdommer som kan smitte fra dyr til mennesker. Overvåkingen skal skje gjennom en Én helse-tilnærming. Det vil si at en søker å etablere en form for overvåking av smittestoffer som gir et helhetlig bilde av samspillet mellom økosystemenes tilstand og helsen til villlevende dyr, tamdyr og mennesker.

I Norge har vi valgt å satse på å styrke overvåkingen av fugleinfluensa. En viktig del av denne satsingen er å forbedre den passive overvåkingen. Vi har derfor etablert kommunikasjon med ornitologiske fagmiljøer som Norsk institutt for naturforskning, Polarinstituttet, BirdLife, Ringmerkingssentralen og Statens naturoppsyn. Gjennom disse kanalene har vi informert om prosjektet og åpnet for at de selv kan bestille prøvesett gjennom en egen nettside. Tanken er at dette skal gi oss større årvåkenhet og evne til å oppdage sykdom blant ville fugler, og større og mer geografisk representativt prøvetilfang. Når vi nå i år hevder at det ikke har vært stor forekomst av sykdom og død hos ville fugler, så tenker vi at den økte årvåkenheten tilsier at vi kan gjøre dette med en viss tyngde.

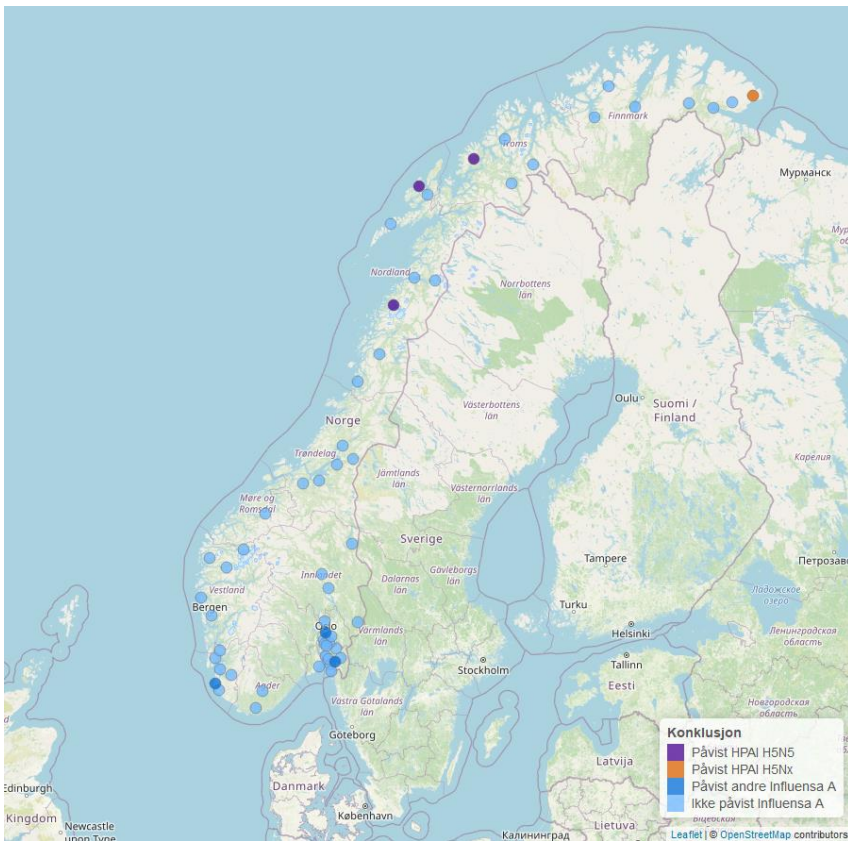
Den første påvisningen av HPAI hos villlevende fugl denne høsten ble gjort på en årsunge av svartbak (*Larus marinus*) som ble funnet levende i vannkanten nær Myre sentrum i Øksnes kommune i Nordland den 27. september (tabell 1). Fuglen var ute av stand til å fly, ålte seg rundt og oppførte seg generelt merkelig ifølge varsleren. Den døde bare timer etter at den ble funnet. Svartbaken var infisert med HPAI H5N5.

I begynnelsen av oktober ble det også påvist HPAI H5Nx hos svartbak og gråmåke funnet i havneområdet i Vardø i Finnmark (figur 2). Det var da observert flere døde måker i området. I midten av oktober ble HPAI H5N5 påvist hos en ung havørn funnet med tydelige tegn på sentralnervøs sykdom i Meløy kommune i Nordland (figur 3), og hos én av to innsendte måker (ikke artsbestemt) som ble funnet døde på Finnsnes i Senja kommune i Troms.

Tabell 1. Påvisninger av høypatogent fugleinfluensavirus (HPAIV) hos villfugl i Norge i perioden 15.04.2024 - 20.10.2024.

Dato for prøveuttak	Kommune	Fylke	Hensikt	Art	Konklusjon
27.09.2024	Øksnes	Nordland	Passiv overvåking	Svartbak	Påvist HPAI H5N5
07.10.2024	Vardø	Finnmark	Passiv overvåking	Svartbak	Påvist HPAI H5Nx
07.10.2024	Vardø	Finnmark	Passiv overvåking	Gråmåke	Påvist HPAI H5Nx
10.10.2024	Senja	Troms	Passiv overvåking	Måkefugler	Påvist HPAI H5N5
15.10.2024	Meløy	Nordland	Passiv overvåking	Havørn	Påvist HPAI H5N5

Sammenholdt med opplysninger om nylige funn av HPAI hos sjøfugl langs nordøstkysten av Storbritannia, på Færøyene, Vest-Island og den tyske delen av Vadehavet (se nedenfor), så kan disse funnene være uttrykk for at det er økende forekomst av HPAIV-infeksjon i måkebestandene langs Nordsjøen og Norskehavet. Det at en del av fuglene er ungfugler, kan indikere at disse rammes når ulike fuglebestander møtes utover høsten og ikke-eksponerte fugler møter fugler fra bestander hvor virus sirkulerer. Havørn og svartbak spiser åtsler og vil lett kunne fange svake og syke fugler. Disse artene vil dermed kunne fange opp virus som sirkulerer blant sjøfuglene.



Figur 2. Prøver fra villfugl undersøkt for aviært influensavirus (AIV) i Norge i perioden 15.04.2024 til 20.10.2024. På kartet er prøvetatte fugler vist med et punkt i respektive kommunes geografiske sentrum.



Figur 3: Ung havørn funnet syk i Meløy i Nordland. Fuglen var infisert med HPAI H5N5. Foto: Geir Jonny Fagerli, Gildeskål.

## Påvisninger hos fjørfe

Det har ikke vært nye utbrudd av HPAI i fjørfebesetninger eller andre typer fuglehold i Norge siden februar 2024. Det siste utbruddet rammet en kommersiell besetning som drev oppal av slaktekylling foreldredyr.

En oversikt over alle utbrudd av HPAI i tamfuglehold og fjørfebesetninger i Norge finnes [her](#).

## 3 Fugleinfluensa i Europa

### Sverige

Det har ikke vært noen utbrudd av HPAI hos tamfugl i Sverige siden mars 2024. Totalt har det vært tre utbrudd av HPAI hos tamfugl i Sverige så langt i 2024: foreldredyr til slaktekylling (januar), kalkuner (januar) og fasaner (mars). Alle utbruddene fant sted i Skåne.

Sverige påviste ingen tilfeller av fugleinfluensa hos villfugl i rapporteringsperioden (15.04.24-20.10.24). Det ble undersøkt prøver fra 159 viltlevende fugler.

Oversikt over påvisninger hos fjørfe, villfugl og pattedyr i Sverige finnes hos [Statens Veterinärmedicinska Anstalt](#).

### Danmark

Den 8. september 2024 ble det rapportert mistanke om HPAI i et økologisk fjørfehold med rundt 3200 ender og 2800 høner i Guldborgsund kommune på Lolland, Danmark. Få dager senere ble det bekreftet HPAI H5N1-virus i prøver fra besetningen. Økt dødelighet, samt luftveis- og nevrologiske symptomer, inkludert redusert inntak av fôr og vann, ble kun observert hos endene. Endene hadde tilgang til uteområder, mens hønene ble holdt innendørs. Dette er det første utbruddet hos tamfugl i Danmark siden februar 2024, og utbruddet på Lolland er totalt sett det niende i Danmark så langt i år. Oversikt over påvisninger hos tamfugl i Danmark finnes hos [Fødevarestyrelsen](#).

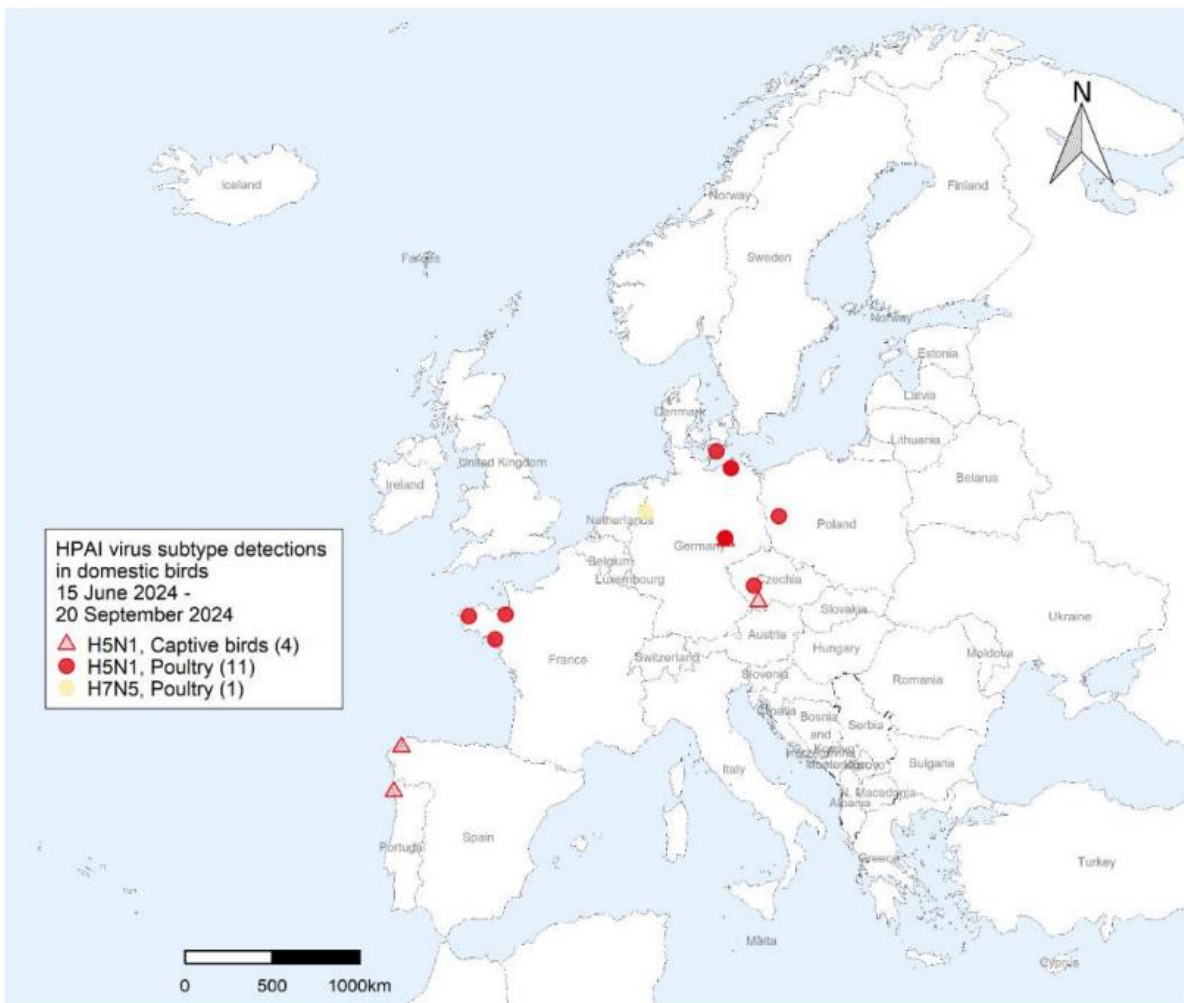
I Danmark ble siste påvisning av HPAI H5N1 blant viltlevende fugler gjort hos knoppsvane på Lolland (12. og 18. august). Før dette var siste tilfelle en havørn med HPAI H5N1 på Sjælland i begynnelsen av juni og en musvåk med HPAI H5N1 i samme område i begynnelsen av mai. Ifølge Fødevarestyrelsens nettsider har det blitt undersøkt 136 fugler for HPAI i perioden. Mange av disse (48) var svarttroster som ble sendt inn med mistanke om infeksjon med Usutu-virus. Oversikt over påvisninger hos villfugl i Danmark finnes hos [Fødevarestyrelsen](#).

### Resten av Europa og globalt

I perioden 15. juni til 20. september 2024 ble det rapportert om utbrudd av HPAI i 12 fjørfebesetninger og fire fuglehold i syv ulike europeiske land (figur 4). Fra 20. september til 20. oktober ble ytterligere 10 utbrudd hos fjørfe rapportert, i Tyskland, Bulgaria, Ungarn, Italia, Polen og Østerrike (kilde: [WAHIS](#)). Med unntak av ett tilfelle, har samtlige utbrudd hos fjørfe og fugler i fangenskap i disse periodene vært forårsaket av HPAI H5N1 eller H5Nx (dvs. virus som ikke er N-typet).

Den 29. juni ble et utbrudd forårsaket av HPAI-virus av subtype H7N5 rapportert i en fjørfebesetning med over 90 000 verpehøns i Bad Bentheim, sørvest i Niedersachsen, nær grensen til Nederland. Det ble rapportert om høy dødelighet og kliniske tegn som redusert eggproduksjon i besetningen. Det påviste HPAI-viruset er ikke beslektet med andre kjente virusstammer som sirkulerer i Europa. Selv om det ikke har blitt rapportert påvisninger av det aktuelle viruset hos villfugl i Tyskland, regner man det for mest sannsynlig at kilden til virusintroduksjon er kontakt med ville fugler, siden hønene hadde tilgang til uteområder (kilde: [EFSA, ECDC, EURL. Avian influenza overview June-September 2024](#)).

Ett av utbruddene som ble rapportert i september rammet en dyrepark i Lützen, Tyskland. Mer enn 100 fugler tilknyttet parken måtte avlives i forbindelse med bekjempelse av utbruddet. Blant dem var det ender, høns og nanduer (søramerikansk struts) (kilde: [Der Mitteldeutsche Rundfunk](#)).



Figur 4. Kart over HPAIV-påvisninger hos fjørfe og fugl i fangenskap i Europa i perioden 15.06.2024 til 20.09.2024. Kilde: EFSA (<https://www.efsa.europa.eu/en/efsajournal/pub/9057>)

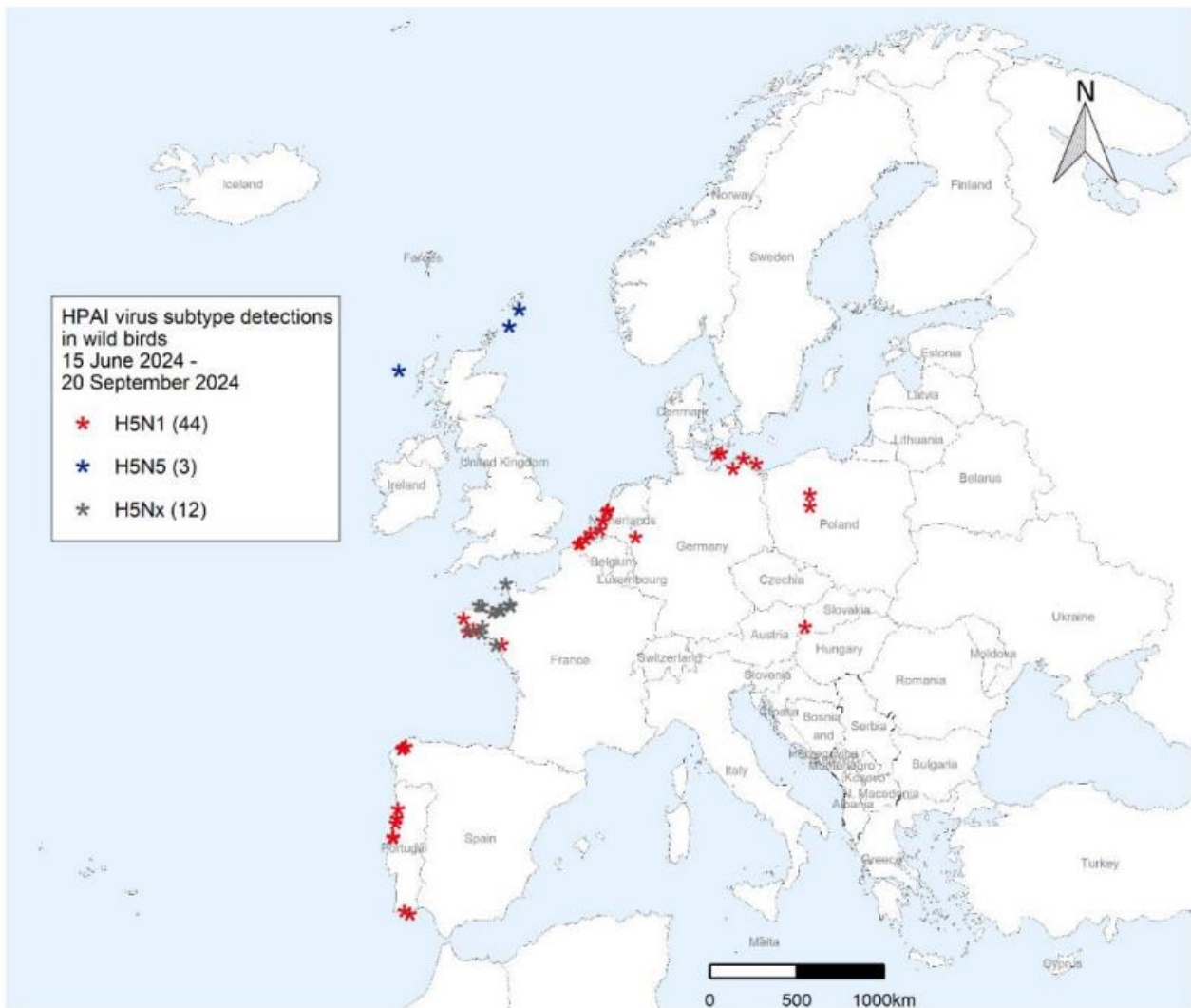
Antallet påvisninger av HPAI hos villlevende fugl i Europa var stabilt lavt i rapporteringsperioden. EFSA foreslår på prinsipielt grunnlag flere mulige årsaker til denne utviklingen: flokkimmunitet i enkelte fuglebestander, lave bestandstall (blant annet som følge av høy dødelighet), mindre smitte i miljøet, endring i hvilke HPAI-genotyper som sirkulerer, endringer i mortaliteten ved infeksjon og/eller endringer i sannsynligheten for at tilfeller oppdages og sendes inn til undersøkelse. Sør for Norge har det vært flest tilfeller av HPAI H5N1 (totalt 44 av 59 tilfeller i perioden juni-september, figur 5). Det var mest kolonihekkende sjøfugl langs Atlanterhavskysten av Portugal, Spania, Frankrike og Nordsjøkysten av Belgia, Nederland og Tyskland som ble rammet. Gråmåke var den hyppigst affiserte arten.

En kilde til bekymring er en relativt rask økning i forekomsten av genotypen EA-2023-DT (H5N1-A/gull/Spain/5061-23\_24VIR4860-8/2023-like). Denne varianten ser ut til å ha oppstått ved reassortering mellom en måketilpasset H13-variant og EA-2022-BB. Den ble først påvist i november 2023 i Spania, men har nå overtatt som den dominerende genotypen i dette området.



H5N5 har blitt påvist hos sjøfugl (måker, storjo, skarv og uidentifisert alkefugl) og ravn rundt Nordsjøen og Norskehavet (Storbritannia, Færøyene, Island og Tyskland). Antall påvisninger ser ut til å ha økt den siste måneden av rapporteringsperioden.

I resten av verden har det i rapporteringsperioden vært stille med henblikk på HPAI hos viltlevende fugler. De eneste offentlig rapporterte påvisningene har skjedd i USA og Canada. Dette har i de fleste tilfellene vært HPAI H5N1. Et interessant funn er imidlertid påvisning av HPAI H5N5 (klade 2.3.4.4b) hos gråmåke, islandsmåke og svartbak i Nova Scotia og gråmåke på Newfoundland og Labrador i Canada (kilde: [https://www.cwhc-rscf.ca/avian\\_influenza.php](https://www.cwhc-rscf.ca/avian_influenza.php) og [WOAH Report FUR\\_169490, 2024/10/15](https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/surveillance-reports/wild-bird-influenza-a-h5n5)). Denne subtypen av HPAI, som altså likner den vi ser hos måkefugler på vår side av Atlanterhavet, har blitt påvist hos mange arter på østkysten av Canada over en lengre periode.



Figur 5. Kart over HPAIV-påvisninger hos villfugl i Europa i perioden 15.06.2024 til 20.09.2024 fordelt på ulike subtyper. Kilde: EFSA (<https://www.efsa.europa.eu/en/efsajournal/pub/9057>).

## 4 Fuglebevegelser

I oktober går fremdeles det meste av trekkbevegelser på småfugl og større arter som ender, gjess og måkefugl som trekker fra nordøst mot sørøst. I begynnelsen av oktober passerer for eksempel størstedelen av kortnebbgåsbestanden fra Svalbard over Sør-Norge på vei til sine vinterområder, som strekker seg fra Danmark og sørover til Nederland. Også for andearter som stokkand, kvinand og siland er oktober en måned med betydelig trekkaktivitet. Generelt ser vi en tendens til at trekket avtar i november for mange arter, men kuldeperioder kan utløse nye trekkbølger fra midlertidige vinterområder, og da gjerne ved at fuglene tar en ny etappe mot sørligere strøk.

De siste påvisningene av HPAI i Norge har blant annet blitt registrert hos gråmåke og svartbak. Disse to måkeartene er det vi kaller partielle trekkfugler, noe som betyr at en del av bestanden trekker bort fra hekkeområdene utenom hekkeperioden, mens andre individer blir værende i de samme områdene året rundt. Dette gjelder langs hele norskekysten, og andelen individer som ikke trekker i det hele tatt er forholdsvis lav, ofte under 10 % hos begge artene. Nyere studier av trekkbevegelser ved hjelp av GPS har vist at spesielt svartbak ofte foretar trekk på 100-200 kilometer sørover tidlig på høsten, før de vender tilbake til hekkeområdene. Slike prøvetrekk gjennomføres trolig for å vurdere næringstilgangen lengre sør. Siden flygekostnadene for disse artene ikke er så høye, er det fordelaktig å trekke tilbake hvis næringstilgangen i de nye områdene ikke er vesentlige bedre enn i hekkeområdene. Denne adferden kan ha stor betydning for spredning av HPAI, da enkeltindivider kan bringe med seg smitte fra sørligere områder på andre tidspunkter enn det vi forventer.

Påvisningene av HPAI hos måkefugl så langt i oktober har blitt registrert i de tre nordligste fylkene. Både for gråmåke og svartbak er det trolig snakk om lokale hekkefugler, samt ungfugler fra årets produksjon. Spesielt hos gråmåke har man sett en betydelig nedgang i hekkebestanden i flere områder sommeren 2024, noe som kan ha en sammenheng med det store utbruddet av HPAI i Finnmark sommeren 2023. Gråmåker som hekker i Troms og Finnmark trekker ofte sørover i perioden oktober til desember. Det kan derfor tenkes at områder lenger sør vil få tilsig av smittede fugler fra nordlige områder i løpet av høsten. Det er derfor viktig å følge med på syke måkefugler utover høsten og vinteren.

## 5 Smitte til andre dyr

I perioden 15. juni til 23. september ble det ikke rapportert noen tilfeller av HPAI hos pattedyr i Europa. Tidligere i 2024 rapporterte Danmark om påvisning hos én rødrev og Tyskland om påvisninger hos fire rødrever og en vaskebjørn. I Sverige ble HPAI H5N1 påvist hos én oter av totalt 192 testede pattedyr siden starten av året. Oteren ble funnet ved kysten i et fuglerikt område.

Flere land har økt testingen av pattedyr for HPAI. I Belgia ble over 100 rever testet fra januar til juni 2024, og alle prøvene var negative. Ytterligere 33 rever testet negativt i perioden juni til september. I Østerrike har man siden starten av 2024 testet totalt 205 ville og tamme pattedyr fra 12 ulike arter, og alle resultatene var negative.

Det har blitt rapportert flere påvisninger basert på prøvetakinger utført året før. Danmark rapporterte om HPAI H5N1 hos fire steinkobber som ble prøvetatt sensommeren 2023, og i Norge ble HPAI H5N5 påvist hos en hvalross som ble prøvetatt på Svalbard sommeren 2023. Nederland rapporterte om HPAI H5N5 hos en røyskatt prøvetatt i februar 2024.

For holdte pattedyr ble det i mai 2024 rapportert om påvisning av HPAI H5N1 hos en kattunge i et katteri i Ungarn. De øvrige 21 kattene testet negativt. Antatt smittekilde var indirekte kontakt med ville fugler da kattene hadde tilgang til områder utendørs.

Utenfor Europa har det vært størst fokus på utbruddet av HPAI H5N1 hos melkekyr i USA (se eget avsnitt under). I tillegg har spillover fra fjørfegårder med påvist smitte vært i fokus. I New Mexico ble HPAI H5N1 påvist hos 66 husmus på en fjørfegård med påvist smitte. HPAI H5N1 ble i perioden juni til september for første gang påvist hos tre nye pattedyrarter i Nord-Amerika: hjortemus, ørkenkanin og en klatremusart. Det ble også påvist tilfeller hos katt, husmus, vaskebjørn, rødrev og skunk. I Canada ble HPAI H5N5 rapportert hos tre vaskebjørner, tre stripeskunker og tre rødrever, og HPAI H5N1 har blitt påvist hos åtte stripeskunker og en rødrev. I Antarktisregionen ble det i mars 2024 påvist H5-virus i prøver tatt fra et kadaver av sørlig elefantsel.

Per i dag forårsakes de fleste tilfeller av HPAI hos pattedyr av sporadisk smitte fra fugler. Rovdyr, typisk åtseletere, er særlig utsatt for smitte.

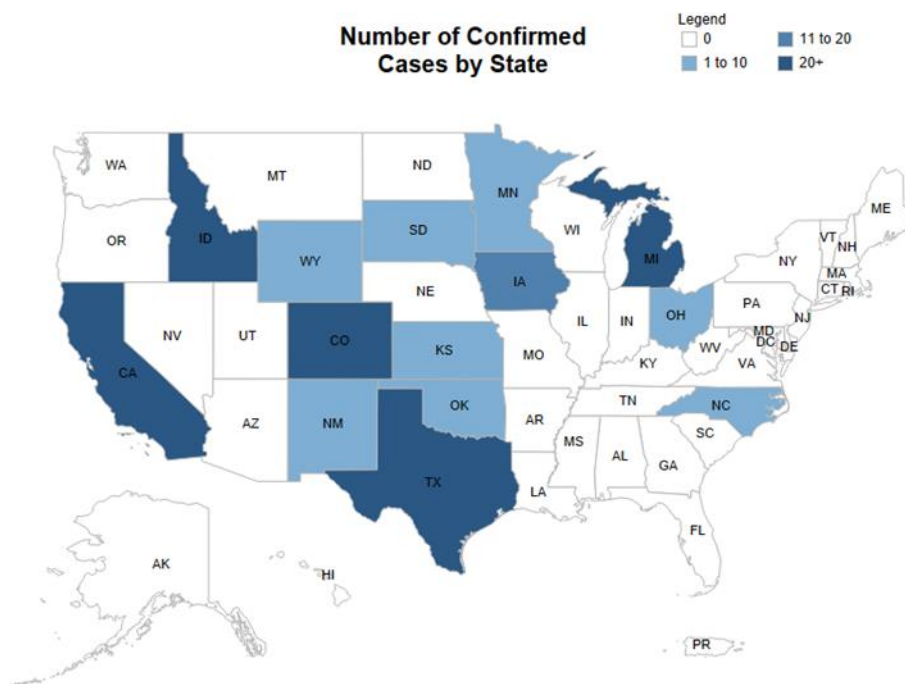
### Status for utbruddet hos melkekyr i USA

HPAI H5N1 har siden begynnelsen av 2024 forårsaket utbrudd blant melkekyr i USA. Fra 25. mars i år og per 18.10.24 rapporterte [APHIS-USDA](#) om at viruset var påvist i 324 besetninger fordelt på 14 stater (figur 6). Ved utbruddets begynnelse var det flest rammede besetninger i Texas og Michigan. Utover våren og sommeren var det høyeste antallet rammede besetninger i Colorado, hvor det ble også påvist smitte fra ku til fjørfebesetninger. Tidlig i høst ble viruset også påvist i California, den staten som har det høyeste antallet melkekubesetninger i USA (1,7 millioner). Disse er spesielt lokalisert i Central Valley. I det siste har utbruddsaktiviteten vært høyest i dette området.

Viruset ble først introdusert til USA av trekkfugl og har blandet seg med lokale fugleinfluensavirus. Smittemåte til ku er fortsatt ukjent. Trolig har viruset opprinnelig smittet til ku ved en enkeltintroduksjon fra villfugl, og siden spredd seg i og mellom storfebesetninger. Viruset smitter mellom kyr via melking og melkeutstyr, og mellom besetninger via forflytning av dyr og sannsynligvis indirekte via felles personell, utstyr eller kjøretøy.

Smitteforsøk utført i Tyskland og USA viser at H5N1 gir en lokal infeksjon i juret og at dette er mest sannsynlig smittevei. Det ble vist at både amerikanske og europeiske virusvarianter kan gi slike infeksjoner. Smitte via luftveier er mindre sannsynlig. Kyrene blir nedstemte, får jurbetennelse og nedsatt eller endret melkeproduksjon. Undersøkelser har vist at virus kan være i melka et par uker før de kliniske tegnene blir synlige. De fleste kyrene tilfriskner etter noen uker. Det er rapportert om en dødelighet på 1-2 %. I California er det rapportert om en høyere dødelighet på opp mot 10-15 %, men det gjenstår å få dette bekreftet. USDA har godkjent klinisk utprøving av vaksine mot H5N1 til kyr i USA.

HPAIV H5N1 B3.13, som er det viruset som er årsaken til utbruddet hos melkekyr i USA, er også påvist hos andre dyr i forbindelse med utbruddet, både hos blant annet fjørfe, katter, alpakka, skunk, rødrev og gnagere inkludert ulike musarter og ørkenkanin. Kattene har hatt alvorlig sykdom i luftveier og sentralnervesystem. Viruset har også ved enkelte anledninger smittet til mennesker (se avsnitt om smitte til mennesker). Virusvarianten er ikke påvist hos villfugl i USA siden begynnelsen av året. Det er så langt ikke påvist smitte med HPAI til storfe i Europa.



Figur 6. Totalt antall påvisninger av HPAIV H5N1 klade 2.3.4.4b, genotype B3.13 i melkekubesetninger i USA fra 25. mars 2024 og per 18. oktober 2024 (Kilde: [APHIS USDA](#)).

## 6 Smitte til mennesker

Mennesker kan i svært sjeldne tilfeller smittes av fugleinfluensa. Fra 2003 og per 20. september 2024 rapporterte [ECDC](#) om totalt 909 tilfeller av A(H5N1) hos mennesker. Blant dem var det 464 dødsfall. Tilfellene er fra 24 land, hvorav ingen fra Norge. Smitte med andre fugleinflusavirus forekommer også sporadisk, spesielt i Asia. Fugleinfluensa har så langt ikke forårsaket vedvarende smitte mellom mennesker.

Siden [forrige statusrapport](#) (publisert 15.04.25) og per 18.10.24 er det rapportert om 32 nye tilfeller av A(H5N1) eller A(H5) hos mennesker. Disse er fra [Australia](#) (1), [Kambodsja](#) (5) og [USA](#) (26). Blant tilfellene fra Kambodsja ble det påvist virus tilhørende klade 2.3.2.1c, mens personen i Australia fikk påvist klade 2.3.2.1a etter reise til India. Dette er begge undergrupper av H5-virus som sirkulerer hos fjørfe i deler av Asia, men ikke i Europa. I USA er H5N1-virus i klade 2.3.4.4b påvist hos tilfellene. Dette er den undergruppen av H5-virus som har vært utbredt blant fugler i Europa de siste årene, men der virusvarianten B.3.13 har utviklet seg i Nord-Amerika etter introduksjon med villfugl fra Europa og påfølgende krysning med lokale fugleinflusavirus, og forårsaket utbrudd hos melkekyr. Virusvarianten er ikke påvist utenfor USA.

Fra april 2024 og per 18. oktober 2024 rapporterte [CDC](#) om totalt 27 bekreftede tilfeller av A(H5N1) eller A(H5) i USA. Personene utviklet konjunktivitt eller milde luftveissymptomene. De fleste fikk påvist virus etter kontakt med smittede melkekyr (17) eller fjørfe (9). For én person fra Missouri er smitekilden foreløpig ukjent. I høst har flertallet av tilfellene vært fra California der utbruddsaktiviteten har vært størst hos melkekyr. Høye temperaturer i enkelte stater i USA i sommermånedene, har trolig i noen tilfeller gjort det utfordrende med korrekt bruk av personlig beskyttelsesutstyr under utbruddshåndteringen hos dyr.

Folkehelseinstituttet publiserte 24.06.24 en [risikovurdering av utbruddet med fugleinfluensa hos melkekyr i USA](#). Det ble vurdert at situasjonen i USA øker risiko for at viruset kan utvikle seg til å bedre smitte til og mellom mennesker, men at risiko for dette foreløpig er lav. Situasjonen i USA ble ikke vurdert å høyne den nåværende risikoen for smitte til mennesker i Norge.

Risikoen for smitte til mennesker i Norge med fugleinflusavirus tilhørende A(H5Nx) 2.3.4.4b vurderes fortsatt av Folkehelseinstituttet som svært lav for den generelle befolkningen ([FHI risikovurdering av 06.06.2023](#)). Risikoen øker noe ved nærkontakt med store mengder smittede fugler og man bør derfor følge gjeldende smittevernråd. Dette gjelder også ved håndtering av pattedyr der det er mistanke om fugleinfluensa. [Les mer](#) hos Folkehelseinstituttet om råd for å forebygge smitte med fugleinfluensa til mennesker.

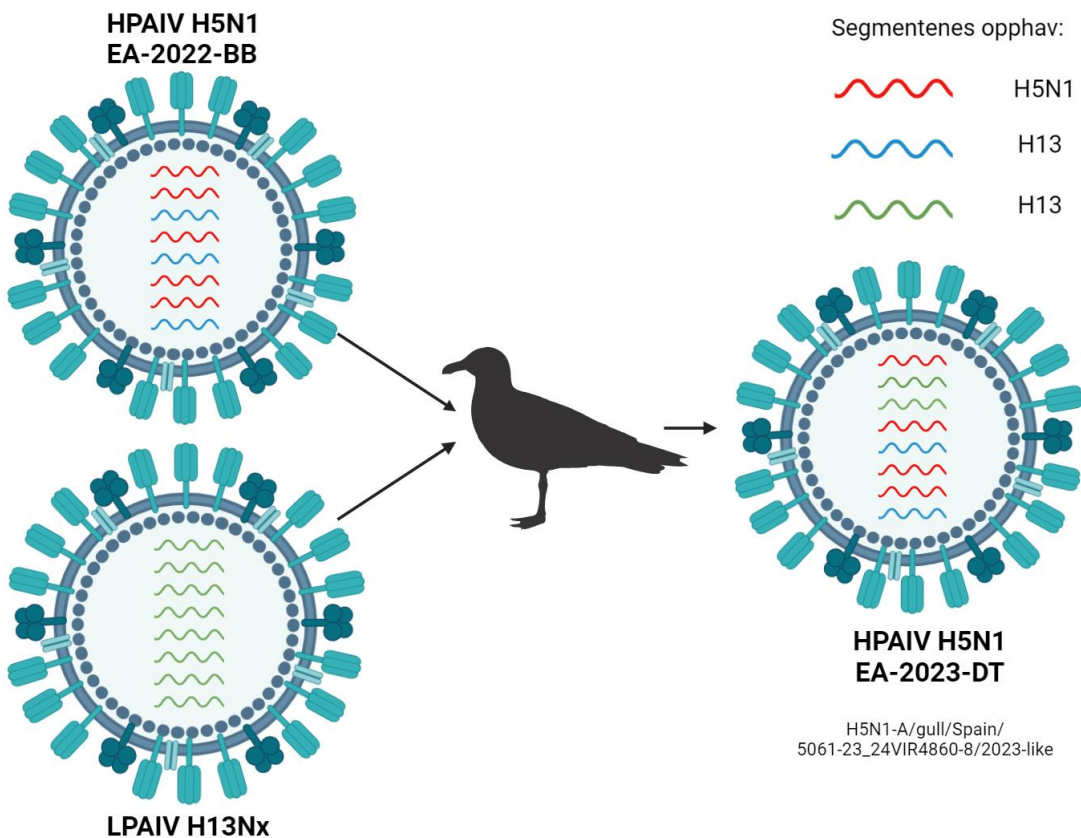
## 7 Virusgenetikk

HPAI-virusene som har forårsaket store utbrudd blant fugler i Europa og ellers i verden de siste årene tilhører en undergruppe (klade) av H5-virus kalt 2.3.4.4b. H5N1-virus innenfor denne undergruppen inndeles videre i en rekke ulike genotyper. Det finnes et stort mangfold av H5N1-virus som sirkulerer. I tillegg sirkulerer H5N5 virus fra samme klade i nordlige områder.

Fra 10. april og til 30. september har det ikke vært påvist HPAI i fugler eller andre dyr i Norge. I denne perioden har det imidlertid blitt påvist aviære influensavirus av andre subtyper enn H5 og H7 hos andefugler og måker. Noen få av disse prøvene har blitt karakterisert og viser at blant annet lavpatogene aviære influensavirus av subtypene H1N1 og HxN5 sirkulerer hos ender, mens H13N6 sirkulerer i måker.

I oktober ble HPAI H5N5 påvist i villfugler fra passiv overvåking av fallvilt. Fullstendig karakterisering av ett av disse virusene viser at isolatet er genetisk nært beslektet med andre virus av samme subtype påvist i Norge i januar og høsten 2023. H5N5 genotype EA-2021-I ble beskrevet for første gang i Russland i 2020 og har siden 2021-2022 sesongen blitt påvist sporadisk hos villfugler i Norge. Siden høsten 2023 har svært relaterte virus blitt påvist i andre land på den nordlige halvkule, inkludert UK, Island, Grønland, Canada, Japan. Spredningsmønsteret assosiert med H5N5 genotype EA-2021-I skiller seg fra andre HPAI-virus. Noen av de nyeste påvisningene har vært i kolonihekkende sjøfugl på britiske øyer i Nordsjøen.

I Norge ble det våren 2024 påvist tilfeller av virus genotype H5N1 EA-2021-AB og H5N1 EA-2023-DG. I Europa har det vært færre genotyper detektert i sommerperioden. Det er særlig tre HPAI H5N1-genotyper som har sirkulert i løpet av sommermånedene; de benevnes som EA-2023-DI, EA-2022-BB og EA-2023-DT. Genotype EA-2023-DT er beslektet med den måketilpassede EA-2022-BB-varianten og kan tenkes å ta over som dominerende genotype i bestandene av måkefugl. EA-2023-DT er et resultat av reassortering mellom EA-2022-BB og et måkeadaptert H13-virus (figur 7). Denne genotypen har fire gensegmenter som stammer fra H13-virus (PB1, PA, NP og NS), i motsetning til EA-2022-BB, som har tre gensegmenter fra H13-virus (PA, NP og NS). Det er forventet videre spredning av genotype EA-2023-DT, særlig blant måkefugler i kystområder i Nord-Europa.



Figur 7. HPAI H5N1 genotype EA-2023-DT er et resultat av reassortering mellom EA-2022-BB og H13-virus. EA-2023-DT har fire gensegmenter som stammer fra H13-virus. Figuren er laget med BioRender.com

Med unntak av Amerika, finnes det mindre informasjon om H5N1-genotyper utenfor Europa. Den amerikanske genotypen av HPAI H5N1 klade 2.3.4.4b som forårsaker utbrudd på melkekyr (B3.13) har oppstått i Amerika og har aldri vært påvist i Europa.

Så langt er det ikke sett tilfeller av nøkkelmutasjoner i europeiske H5-virus som indikerer økt smitteevne til pattedyr. Men det er funnet mutasjoner i PB2-delen av virus-polymerasen som er kjente markører for tilpasning til pattedyr (E627K, D701N, T271A). Slike mutasjoner er funnet i H5-virus hos villfugl, fjørfe og pattedyr. I Norge er PB2-E627K-mutasjonen funnet i isolater fra havørn og rødrev.

## 8 Vurdering

Direkte smitte med HPAI-virus kan skje ved overføring av virus mellom fugler via fekal-oral smitte eller dråpesmitte. Indirekte smitte kan skje når virus overføres fra fugl til fugl via en intermediær kilde, som for eksempel kontaminerte gjenstander, persontrafikk eller lignende. Smitteoverføring fra villfugl til tamfugl, eller omvendt, kan skje ved tilgang til samme uteområde, bruk av felles fôr- og vannkilder, eller ved at mennesker bringer med seg smitte med seg på klær, fottøy eller utstyr.

Ville fugler som lever i tilknytning til vann, typisk ender, gjess, svaner, samt vade- og måkefugler, utgjør et naturlig reservoar for forskjellige typer aviære influensavirus. I noen områder ligger habitatene til disse villfuglgruppene i fjørfetette områder. Dette gjelder særlig i Rogaland, der man finner våtmarksområder med høy forekomst av blant annet andefugl i landbruksområder med mange fjørfegårder. Alle utbrudd av HPAI i kommersielle fjørfebesetninger i Norge har forekommet i Rogaland. Det bør til enhver tid være fokus på smittevern i fjørfehold i denne regionen. I kommersielle fjørfehold i hele landet bør biosikkerhetsrutinene gjennomgås jevnlig.

Erfaringer fra Europa de siste årene viser at risikoen for utbrudd i fjørfebesetninger vanligvis øker fra høsten og i vinterhalvåret. I takt med en økning i antall påvisninger blant villfugl i Europa forventes det også en økning i utbrudd blant fjørfe og andre fugler i fangenskap. Dette gjelder også i Norge. I oktober ble de første påvisningene av HPAI hos villfugl siden april registrert her til lands, etter en rolig sommersesong uten noen funn.

Det er den seneste tiden rapportert om flere påvisninger av HPAI blant sjøfugl i Norge og Europa, særlig blant måkefugl. Sommeren 2023 var massedød blant krykkjer og annen måkefugl i Norge forårsaket av en genotype av HPAI H5N1-virus, kalt EA-2022-BB ('genotype BB'). Denne genotypen hadde oppstått gjennom genetisk reassortering mellom et lavpatogent H13-virus, som har måkefugl som sitt naturlige reservoar, og et høypatogent H5N1-virus. Resultatet var et HPAI-virus som var godt tilpasset og svært dødelig for måkefugl. Siden juni 2024 har det vært en økning i forekomsten av genotypen EA-2022-BB langs kysten av Frankrike, Belgia og Nederland, med flest tilfeller blant måkefugl.

Alle karakteriserte HPAI-virus som ble påvist hos sjøfugl langs Atlanterhavskysten av Spania og Portugal i perioden mai til september har vært av en ny genotype kalt EA-2023-DT ('genotype DT'). Denne genotypen, som stammer fra en reassortering mellom EA-2022-BB og et måkeadaptert H13-virus, kan være enda bedre tilpasset måkefugl enn EA-2022-BB. I tiden fremover vil Veterinærinstituttet følge med på spredningen av EA-2023-DT i Europa. Det er viktig å følge med på sykdom og dødelighet blant måkefugler utover høsten og vinteren.

Påvisningene av HPAI H5N5 i Norge i Nord-Norge i oktober indikerer at denne subtypen igjen sirkulerer blant villfugl i Norge. Måkefugl som har hekket i de nordligste fylkene kan trekke sørover i perioden oktober til desember. Det er derfor en mulighet for at smittede fugler fra nord kan nå sørligere områder i løpet av høsten. Det er viktig å være oppmerksom på sykdom og dødelighet blant måkefugler, rovfugler og andre villfugler gjennom høsten og vinteren, slik at utbredelsen av H5N5 kan overvåkes i tiden fremover.

Publikum, fugleforskere og andre bør være oppmerksomme på og varsle Mattilsynet tidlig ved tegn til atypisk dødelighet hos villfugl. Forvaltningsaktører bør være beredskapsmessig forberedt på situasjoner med høy dødelighet og mange kadavre på kort tid. Beredskap som omfatter observasjon av villfugl og innsamling av kadavre er viktig for å ha oversikt over utbrudd og redusere smittespredning til villfugl, tamfugl og pattedyr.



## 9 Anbefalinger

Veterinærinstituttet har følgende råd og anbefalinger per 20.10.2024:

- **Fortsatt fokus på smittevern i kommersielle fjørfebesetninger og hobbyfjørfehold i hele landet.**  
Direkte eller indirekte kontakt med smittede villfugler er ansett for å være den viktigste smitteveien for HPAI-virus til fjørfe i Norge. Det er derfor viktig å hindre at villfugl oppmuntres til å oppsøke fjørfehold på grunn av lett tilgjengelig næring. Fôr og vannkilder i fjørfehold bør ikke være tilgjengelig for villfugl. I kommersielle fjørfehold bør biosikkerhetsrutinene gjennomgås jevnlig.
- **Lav terskel for å varsle Mattilsynet ved økt dødelighet, nedsatt produksjon og/eller redusert fôr- og vannopptak i fjørfebesetninger og hobbyfjørfehold.**  
Det er viktig at en eventuell smitteintroduksjon til fjørfe og hobbyfjørfe blir oppdaget tidlig slik at videre smittespredning kan forhindres.
- **Styrket overvåking av smitteforekomst blant ville fugler.**  
Ved meldinger om atypisk dødelighet hos rovfugl, andefugl og sårbare fugleartsgrupper som måkefugl, alkefugl og suler, eller andre fuglegrupper, bør disse prioriteres for testing. Det ønskes prøver både fra fastlandet og fra Svalbard for å kunne følge med på smittespredningen av H5N1 og H5N5. Veterinærinstituttet vil sammen med Folkehelseinstituttet styrke overvåkingen av villfugl gjennom EU-prosjektet «One Health 4 Surveillance» (OH4S). Styrkingen omfatter blant annet at vi gjør det enklere for fugleforskere, oppsynsmenn og andre som har nær kontakt med villfugl å sende inn prøver.
- **Lokaliteter med større ansamlinger av villfugl bør overvåkes nøye, og lokale myndigheter bør ha beredskap for utbrudd.**
- **Hunder og katter bør holdes unna syke og døde fugler.**  
Ved tegn på sentralnervøs sykdom og/eller luftveissykdom hos hund og katt som kan ha vært i kontakt med viltlevende dyr, bør behandlende veterinær varsle Mattilsynet.
- **Årvåkenhet for smitte til andre dyr**  
Ved utbrudd av HPAI hos fjørfe og villfugl anbefales årvåkenhet for smitte til andre dyrearter. Mattilsynet skal varsles ved observasjon av ville pattedyr som viser tegn til luftveissykdom eller sentralnervøs sykdom, og ved funn av døde dyr hvor dødsårsaken ikke er åpenbar. Slike dyr bør om mulig prøvetas av kvalifisert personell. Særlig aktuelle arter er rev, mink, oter, steinkobbe, havert og nise.
- **Ved ivaretagelse av viltlevende dyr for rehabilitering der man ikke kan utelukke HPAI-infeksjon skal Mattilsynet varsles slik at dyret blir prøvetatt.**  
Mattilsynet kan gi føringer for hvordan rehabiliteringen skal skje og eventuelt beslutte at dyret avlives.
- **Fjerne død villfugl.**  
For å redusere smittespredning i forbindelse med utbrudd av fugleinfluensa hos villfugl er det viktig å fjerne døde fugler. Døde fugler som prøvetas uten å sendes inn bør samles inn og destrueres etter prøvetaking.