

Rapport

Risiko for smitte med høypatogen aviaær influensa (HPAI) H5N1 fra ville fugler til fjørfe i Norge

En vurdering av situasjonen i forbindelse med
vårtrekket 2006

Anne-Gerd Gjevre
Kjell Handeland
Peder A. Jansen
Trude M. Lyngstad
Bjørnar Ytrehus

ISSN 0809-9197 (trykt utg.)
ISSN 1890-3290 (online)



Innhold

Sammendrag	3
Bakgrunn.....	3
Ansvarlige for rapporten	4
Fakta grunnlag.....	4
Høypatogen aviær influensa H5N1	4
Global status for spredning hos fjørfe og villfugl per januar 2006	4
Diagnostiske utfordringer.....	7
Mottakelighet, bærerskap og smittespredning hos villfugl og fjørfe	7
Virusets overlevelse i miljøet.....	9
Fjørfe i Norge	9
Populasjonsoversikt	9
Drikkevannsforsyning til fjørfebesetninger i ulike deler av Norge.....	11
Bevegelsesmønsteret i norsk fjørfe næring og mulighet for smittespredning	11
Villfugl.....	12
Generelt om trekkruiter, rasteområder og overvintringssteder for ville fugler som hekker i Norge	12
Generelt om risikoarter av villfugl i Norge	12
Trekkruiter og overvintringssteder for spesifikke risikoarter	13
Viktige rasteområder for spesifikke risikoarter i Norge under vårtrekket.....	16
Andre arter som potensielt kan trekke til Norge fra utbruddsområdene i Sørøst-Europa og Sørvest-Asia	17
Vurdering av risiko for smitte med HPAI -H5N1 fra ville fugler til fjørfe og andre fugler holdt i fangenskap i tilknytning til vårtrekket 2006	18
Smittestatus hos villfugl i Norge / den øst-atlantiske hovedtrekkruta per januar 2006	18
Sannsynlighet for smitteintroduksjon til Norge via villfugl under vårtrekket.....	18
Områder i Norge som kan være spesielt utsatt for smitte fra villfugl	19
Smitteveier og konsekvenser ved smitte fra villfugl til fjørfe i tilknytning til vårtrekket 2006	21
Konklusjon.....	22
Reference List	23

Vedlegg 1-4

Sammendrag

Veterinærinstituttet har vurdert sannsynligheten for og konsekvensene av en smitteintroduksjon med høypatogen aviær influensa (HPAI) H5N1 fra villfugl til fjørfe i Norge i forbindelse med vårtrekket i 2006. Det har ikke fremkommet resultater i overvåkningsprogrammet for aviær influensa som tyder på at H5N1 forekommer i den norske villfuglpopulasjonen. Vurderingen er derfor gjort med utgangspunkt i sannsynligheten for introduksjon av smitte via trekkfugl som kommer fra områder med bekreftede utbrudd av HPAI-H5N1.

Det er lite kunnskap om bærerskap av HPAI-H5N1 hos villfugl. Man antar likevel at trekkfugl spiller en viktig rolle for spredning av viruset til fjørfe og villfugl i nye områder. Under forutsetning av at HPAI-H5N1 ikke sprer seg til vestlige deler av Afrika og/eller Vest-Europa, mener Veterinærinstituttet at det er lite sannsynlig at smitte skal introduseres til Norge med trekkfugl i løpet av vårtrekket 2006.

Dersom smitte likevel skulle introduseres med trekkfugl, er det grunn til å betrakte alle de tre fjørfetette regionene i Nord-Trøndelag, Rogaland og Østlandet (Vestfold, Buskerud, Oppland, Akershus, Hedmark) som spesielt utsatt for smitte fra ender og svaner. I tillegg er det grunn til å betrakte hele Oslofjordområdet, som utsatt for smitte. Utegående fjørfe (hobbyfjørfe og fjørfe i økologiske besetninger) i de definerte risikoområdene og fjørfe med drikkevannsforsyning som tas fra overflatevann i disse områdene, vil være mest utsatt.

Konsekvensene ved en introduksjon av HPAI-H5N1 til fjørfe i Norge, vil være avhengig av mange forhold. Beliggenheten av den besetningen som først rammes (indeksbesetningen), besetningstypen og kontakt med andre deler av fjørfe på utbruddstidspunktet vil være av stor betydning. Hvor raskt korrekt diagnose stilles, vil også være avgjørende for konsekvensene av et evt. utbrudd av HPAI-H5N1 i Norge. Veterinærinstituttet anbefaler at fjøreflokker og ville fugler i risikoområdene overvåkes.

Bakgrunn

Mattilsynet (MT) ba i brev av 1.11.2005 (2005/40875-1) Veterinærinstituttet (VI) om å utarbeide en vurdering av risiko for smitte med aviær influensa H5N1 fra ville fugler til fjørfe og andre fugler holdt i fangenskap i Norge.

Målet var å identifisere geografiske områder (kommuner, deler av fylker, fylker) eller mer spesifikke lokalitetstyper (for eksempel våtmarksområder med et visst område omkring) innen de geografiske områdene der den relative risikoen er høy. Ytterligere gradering av risiko var også ønskelig. Vurderingen skulle spesielt ta hensyn til de kriterier og risikofaktorer angitt i kommisjonsvedtak av 19. oktober 2005; 2005/734/EC, Anneks 1.

MT ønsket også en vurdering av sannsynlige scenarier med hensyn på introduksjon av smitte samt spredning av sykdommen i Norge. Videre var MT opptatt av at vurderingene skulle kunne oppdateres fortløpende ved endringer i smittesituasjonen som påvirker risikoen for Norges del. Oppdraget ble derfor definert til å ha en løpende karakter inntil smitterisikoen for Europa blir mer avklart. MT ba VI melde tilbake når man mener det ikke er grunn til å fortsette den løpende vurderingen av risiko. MT mente det uansett var viktig med en vurdering av nå-situasjonen og en vurdering for vårtrekket i 2006.

Veterinærinstituttet vurderte risikoen for introduksjon av smitte med høypatogen aviær influensa H5N1 fra ville fugler til fjørfe og andre fugler holdt i fangenskap i Norge som svært lav i november 2005 [1]. Denne rapporten gir en vurdering av risikoen for smitte omkring vårtrekket 2006.

Ansvarlige for rapporten

VI har hatt behov for eksterne rådgivere (fagornitologer) for å kunne utarbeide oversikter og kartgrunnlag med hensyn på ville fugler. Disse rådgiverne har vært:

- Olav Runde, avdelingsleder, Zoologisk avdeling, Stavanger museum
- Vidar Bakken, forsker, Naturhistorisk museum, Universitetet i Oslo
- Arne Follestad, forsker, Norsk institutt for naturforskning

Ved VI har følgende seksjoner vært involvert i utarbeidelsen av rapporten

- seksjon for patologi ved Anne-Gerd Gjevre og R. Bruce David
- seksjon for vilthelse ved Kjell Handeland og Bjørnar Ytrehus
- seksjon for epidemiologi ved Trude M. Lyngstad, Peder A. Jansen, Helga Høgåsen og Berit Heier
- seksjon for virologi ved Christine Monceyron Jonassen
- Veterinærinstituttet i Trondheim ved Asbjørn Husby

Faktagrunnlag

Høypatogen aviær influensa H5N1

Global status for spredning hos fjørfe og villfugl per januar 2006

De pågående sykdomsutbruddene hos fjørfe (og villfugl) i Asia og Europa forårsakes av infeksjon med høypatogent aviært influensavirus A (HPAI), subtype H5N1, heretter betegnet HPAI-H5N1.

Aviære influensavirus (influenza A virus,) opptrer i form av ulike subtyper, knyttet til overflateproteinene hemagglutinin (H) og neuraminidase (N). Spekteret av subtyper spenner over forskjellige kombinasjoner av 16 H-typer og 9 N-typer. Aviært influensavirus kan deles inn i lav- og høypatogene virus. Endelig karakterisering av influensavirus som høypatogene skjer først etter spesifikke patogenitetstester på hønsekyllinger og gensekvensering av viruset. Det er først og fremst subtypene H5N2, H7N1 og H5N1 som har opptrådt som høypatogene [2]. Dette gjelder imidlertid ikke alle stammer av disse. Subtypen H5N1 kan også ha lavpatogene stammer.

Epizootien av HPAI-H5N1 som nå pågår, startet i Sørøst-Asia i 2002-2003 (tabell 1). Disse første utbruddene ble ikke bekreftet eller rapportert. Alvorlig sykdom og død hos villfugl ble først beskrevet i forbindelse med utbrudd i Hong Kong på slutten av 2002 [2]. I løpet av 2003 og 2004 ble det bekreftet primærutbrudd av HPAI-H5N1 på fjørfe fra ni land i Asia, og siden rapportert om gjentatte utbrudd i flere av landene. Funn av store mengder død villfugl i Kina april 2005, var den første rapport om at viruset hadde forårsaket sykdom og død hos trekkfugler (OiE). Etter dette er det i flere tilfeller påvist H5N1 fra ville fugler. Sommeren 2005 ble HPAI-H5N1 påvist i forbindelse med sykdomsutbrudd hos fjørfe (og villfugl) i Kazakhstan, Mongolia og sentral-asiatisk del av Russland. Høsten 2005 ble det også konstatert utbrudd i europeiske land (figur 1). Bekreftede utbrudd i Europa omfatter land som Tyrkia, Romania, Kroatia, Russland og Ukraina. Gjennom sekvensanalyser er det vist at virus som er isolert i forbindelse med utbruddene i Europa, er svært likt det som ble funnet hos død villfugl i Kina. Distribusjonen av utbruddene i Europa har blitt assosiert med våtmarksområder, elvedeltaer og innsjøer. Disse funnene indikerer at villfugl spiller en større rolle ved spredning av sykdommen over store avstander enn tidligere antatt. Fra midten av desember 2005 til slutten av januar 2006 ble det bekreftet utbrudd og mistanker om utbrudd med HPAI-H5N1 i 12 nye områder i Romania og Tyrkia. Tyrkia er hardest rammet. De fleste påvisningene er fra fjørfe, men det er også isolert virus fra død villfugl (OiE, tabell 1, figur 2). EU-kommisjonen rapporterer per 30.01.06 om mistanke om HPAI-H5N1 på Kypros. Ulike nyhetskilder rapporterer også om mistanke om utbrudd i Saudi-Arabia.

Etter utbruddene i Romania og Tyrkia, mener FAO det er en økt risiko for spredning av viruset til Midt-Østen og det afrikanske kontinent. Foreløpig er det ikke rapportert om mistanke om smitte med H5N1 på det afrikanske kontinent. Det er uvisst om dette skyldes at viruset faktisk ikke er introdusert til denne delen av verden, eller at utbrudd ikke diagnostiseres/ rapporteres.

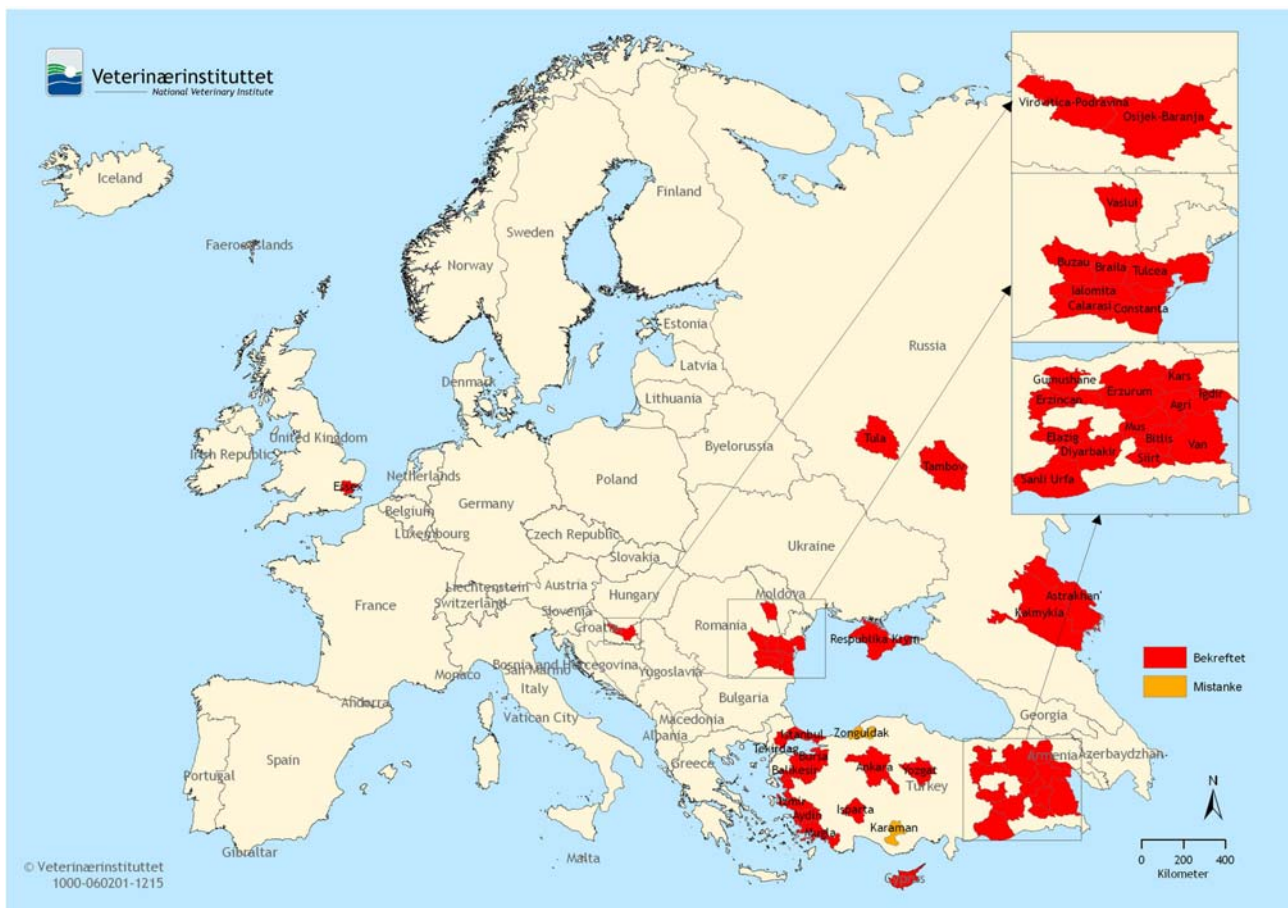
I følge WHO var Japan, Korea og Malaysia i oktober 2005 erklært smittefrie etter å ha bekjempet sine utbrudd (tabell 1).

Viruset har gjennomgått en genetisk forandring fra slutten av nittitallet til i dag. Først sirkulerte genotype Gs/Gd1996 av subtypen H5N1 blant tamender og høns i Kina. Gjennom reassortering (genetisk skift) og mutasjoner (genetisk drift) dukket det i løpet av 2000-2001 opp seks nye genotyper. I 2002 fant man ytterligere åtte nye genotyper, blant dem genotypene Z og Z+. I løpet av 2003 har disse to genotypene, i hovedsak genotype Z, fortrenget de andre, slik at de nå er dominerende blant isolatene som gjøres ved HPAI-H5N1 hos fjørfe. Et karaktertrekk ved disse genotypene er at de også gir sykdom hos viltlevende fugl. Det er også i hovedsak disse to genotypene som isoleres fra mennesker med H5N1-influensa.

Tabell 1. Bekreftede og bekjempede utbrudd av HPAI-H5N1 hos fjørfe og observert dødelighet hos villfugl på verdensbasis i perioden 1996-januar 2006

År	Måned	Land (primærutbrudd uthevet)	
		Bekreftet / <i>bekjempet</i> utbrudd hos fjørfe	Observert dødelighet hos villfugl som følge av HPAI-H5N1 (se vedlegg 1 for artsoversikt)
1996-1997		Kina	
2002			Hong Kong
2003	06	H5N1 forårsaker utbrudd i Asia uten at dette blir rapportert	
	12	Korea	Korea
2004	01	Vietnam	
		Japan	Japan
		Thailand	Thailand
		Kambodsja	Kambodja
		Laos	
	02	Indonesia	
		Kina	
2005	06/07	Nye utbrudd i Kina, Indonesia, Thailand og Vietnam	
	07	<i>Japan kunngjør at de har bekjempet utbruddet. OIE betrakter landet som sykdomsfritt</i>	
	08	Malaysia	
	09	<i>Korea kunngjør at de har bekjempet utbruddet. OIE betrakter landet som sykdomsfritt</i>	
	12	Pågående utbrudd i Indonesia, og Thailand. Trolig også i Kambodsja og Laos	
	01	<i>Malaysia kunngjør at de har bekjempet utbruddet. OIE betrakter landet som sykdomsfritt</i>	
2005	04		Kina: Trekkfugler begynner å dø i Qinghai sjøen i sentral Kina
	05	Nytt utbrudd i Kina	
	07	Russland (vest Sibir)	Russland
	08	Kazakhstan (nær Sibir)	
		Kina (Tibet)	
			Mongolia
	10	Tyrkia	
		Romania	Romania
		Nye utbrudd i Kina	
		Nytt utbrudd i Russland	Kroatia
	11	Romania	Romania
		Ukraina	Russland
		Nytt utbrudd i Tyrkia	Tyrkia
12	Nye utbrudd i Romania		
	Nye utbrudd i Tyrkia		
2006	01	Nye utbrudd i Tyrkia	Tyrkia

Kilder: WHO: HPAI-H5N1 avian influenza: Timeline 28 October 2005. Hendelsene etter oktober 2005 er fokusert på utviklingen i Europa og informasjonen er hentet fra OIE.



Figur 1. Lokalisasjon av bekreftede og mistenkte tilfeller av HPAI-H5N1 hos fjørfe og ville fugler i Europa per 30.01.06. Kilde OIE.

Diagnostiske utfordringer

Diagnostikk av HPAI inkluderer vurdering av

- ◆ kliniske symptomer
- ◆ makro- og mikroskopiske lesjoner i organer og vev
- ◆ laboratorietester for å påvise virus, arvestoff fra virus eller antistoff mot virus

Det er vist at en korrekt diagnose i indeksbesetningen (den besetningen som først blir smittet) og rask iverksetting av tiltak for å bekjempe sykdommen, begrenser omfanget og konsekvensene av et utbrudd med HPAI. I forbindelse med utbrudd av HPAI-H7N7 i Nederland i 2003, tok det fire dager fra materiale fra den første besetningen ble undersøkt, til man fattet mistanke om AI [3]. Årsaken var at AI i første omgang ikke ble betraktet som en aktuell differensialdiagnose. Dette er en følge av at de kliniske symptomene på HPAI ikke er spesifikke, og derfor kan forveksles med en rekke andre fjørfesykdommer [4,5]. Høns og kalkuner som infiseres med HPAI blir normalt funnet døde i løpet av få dager (opp til 100 % mortalitet). Kliniske symptomer avhenger av art, alder, kjønn, eventuelle andre infeksjoner, virusstamme og miljøforhold.

Utbrudd av HPAI vil altså arte seg forskjellig i ulike besetningstyper og med ulike virusstammer. Det perakutte sykdomsforløpet fører ofte til at det er få forandringer å finne ved obduksjon. Under utbruddet i Nederland ble det i 17 % av de positive tilfellene ikke registrert noen makroskopiske lesjoner ved obduksjon [6]. Erfaringene viser at det er viktig å etablere et varslingsystem som kan fange opp et utbrudd i startfasen. Det er grunnlag for å fatte mistanke om HPAI ved forøket dødelighet og apatiske dyr (spesielt hos kalkun) [6].

Mottakelighet, bærerskap og smittespredning hos villfugl og fjørfe

Vannfugler innen ordenene *Anseriformes* (andefugler: ender, gjess og svaner) og *Charadriiformes* (vadere, måker, joer, terner og alkefugler) synes å representere hovedreservoarene for alle subtyper av aviære influensavirus. Ifølge nord-amerikanske undersøkelser er prevalensen av infeksjon hos andefugler høyest

om høsten, hos vade- og måkefugler om våren [7]. Infeksjonene er normalt subkliniske, og fuglene fungerer dermed som friske smittebærere.

Større sykdomsutbrudd med HPAI-H5N1 er konstatert hos ande- og måkefugler. Enkelttilfeller, eller mindre sykdomsutbrudd, er også observert hos andre ordener av fugl, primært i tilknytning til sykdomsutbrudd hos vannfugl og fjørfe. Det er hittil ikke påvist friske smittebærere av ville fugler med HPAI-H5N1.

Sykdomsutbruddene hos vannfugler har i stor utstrekning opptrådt i konsentrasjonsområder knyttet til ferskvannsbiotoper langs viktige trekkruiter. Bare en liten andel av totalbestandene i disse konsentrasjonsområdene har utviklet klinisk sykdom. En antar at det kan finnes individer med subklinisk infeksjon og at fugler i inkubasjonsfasen vil kunne bringe smitten videre. Antagelsen om slike smittebærere med HPAI-H5N1 i villfuglbestandene støttes av eksperimentelle resultater. I forsøk er det vist at tamme ender som utsettes for smitte med HPAI-H5N1 kan etablere infeksjon og skille ut store mengder virus i inntil 17 dager, uten å vise tegn på sykdom [8]. Det ble også konstatert smitteoverføring til ender som var samlokalisert med de eksperimentelle endene. Man erfarte også at HPAI-H5N1 gjennomgår en forandring når det skilles ut fra ender over lengre tid. Viruset forandres til å bli lavpatogent for ender, men er fortsatt patogent for andre fuglearter (høns) og pattedyr [8]. Dette indikerer at HPAI-H5N1 kan finnes hos ender uten kliniske tegn på sykdom.

Virus spres ved horisontal smitte. Dette skjer ved direkte kontakt mellom infiserte og mottaklige fugler eller gjennom indirekte kontakt via aerosol dråpesmitte, vann eller viruskontaminert materiale. Epizootier av aviær influensa hos tamfugl regnes ofte å være et resultat av introduksjon av virus fra ville fugler [9]. Det er foreløpig lite håndfast dokumentasjon på at HPAI har smittet ved direkte eller indirekte kontakt mellom ville og tamme fugler. Ved utbruddet i Japan i 2004 var det imidlertid mistanke om at smitten med HPAI-H5N1 med kom via trekkfugl fra Korea [5]. Det ble også vist et nært fylogenetisk slektskap mellom HPAI-H7N7 isolert ved utbrudd hos fjørfe og isolerte virusstammer fra ville ender i Nederland [10].

I menneskeskapt økosystem har infeksjon med HPAI-H5N1 blitt rapportert fra bl.a. ender, høns og kalkun (vedlegg 1). En antar at viruset er enzootisk hos tamender [9,11], men ikke hos arter som høns og kalkun. Det er grunn til å tro at kalkun i større grad utvikler sykdom etter smitte med HPAI enn høns, ender og gjess [12]. Epidemiologiske undersøkelser har vist en sterk sammenheng mellom HPAI-H5N1 og hold av tamender som beiter i rismarker [11].

Aviære influensavirus kan persistere lenge i vann. Ved utbrudd av HPAI har bruk av ubehandlet overflatevann som drikkevannskilde til fjørfe vært mistenkt som årsak ved smitteintroduksjon til indeksbesetning [13].

Klær, sko, utstyr etc. som er kontaminert med gjødsel, anses som en svært viktig årsak til smitteintroduksjon i en besetning [14]. Etter utbruddet i Nederland i 2003, ble det vist at besetninger med konsumeggproduksjon hadde en økt risiko for å bli smittet. Dette ble forklart med at det var mye kontakt mellom besetningene i forbindelse med henting av egg og resirkulering av eggemballasje [15]. Kontakt med steder hvor det samles levende fjørfe (markeder, utstillinger) vil innebære en risiko for introduksjon av smitte til nye besetninger.

Det er vist at besetninger som ligger innenfor en radius av $\leq 1,5$ km fra en infisert besetning har en økt sannsynlighet for å bli smittet [12]. Epidemiologiske studier i forbindelse med utbrudd av LPAI-H7N7 tyder på at aktiviteten omkring CO₂-avliving av verpehøns med påfølgende nedgraving, medførte at smitten ble spredt til flere nærliggende flokker [13]. Dette kan tyde på en aerogen spredning av virus. I forbindelse med et utbrudd av HPAI-H5N2 i USA forsøkte man imidlertid å påvise virus i filtrert luft uten å lykkes [14].

Virusets overlevelse i miljøet

I ferskvann med nøytral pH, lav salinitet og lav temperatur har en under eksperimentelle forhold estimert en persistenstid på over 1000 dager [16]. I forbindelse med utbrudd har en også sett at virus persisterer lenge (over 100 dager) i hønsemøkk [17]. I sjøvann med høy saltholdighet og relativt høy pH har de undersøkelsene som er foretatt vist kortvarig persistens [18]. Disse undersøkelsene har imidlertid vært gjort på virus fra fugl som lever i ferskvann. Virus fra sjøfugl kan muligens oppføre seg annerledes. I fjorder og kystnære strøk, hvor en har lavere saltholdighet og sjikting av vannmassene, kan en forvente lengre persistens enn i åpen sjø.

Virusets evne til å persistere lenge i kaldt vann kan være en vesentlig epidemiologisk faktor i områder hvor overflatevann benyttes som drikkevannskilde. I Norge er det mest vanlig å benytte UV-bestråling eller klorering ved drikkevannsdesinfeksjon. Når det gjelder UV-bestråling, er det sparsomt med data for effekt mot influensavirus. Det er også store sprik i resultatene fra ulike forsøk med UV-bestråling av influensavirus A. UV-doser som gir 3 log₁₀-reduksjon i infektivitet for influensa A-virus er rapportert i intervallet 3-16 mWs/cm².

Studier hvor det er brukt klor mot influensavirus er stort sett begrenset til vurdering av effekt ved bruk på kontaminerte overflater og utstyr. Til slike formål benyttes svært høye klorkonsentrasjoner (2 - 3 %) noe som er urealistisk ved drikkevannsdesinfeksjon. I en studie der flere virustyper ble sammenlignet i forhold til følsomhet mot kjemiske og fysiske påvirkninger ble det konkludert med at influensavirus A var blant de mest sensitive virustypene [19]. Man bør derfor kunne anta at bruk av klor ved drikkevannsdesinfeksjon er effektivt mot influensavirus A. Effekten av klor reduseres ved økt mengde organisk materiale i vannet.

I ferskvann med pH under 6 senkes infektiviteten til influensaviruset raskt [18]. I norsk fjørfenæring er det i dag ikke uvanlig å tilsette drikkevannet en kombinasjon av organiske syrer og H₂O₂. Dette gjøres for å forhindre utvikling av biofilm innvendig i drikkevannsanlegget. Det angis at slik tilsetning kan senke pH i drikkevannet med 0,5-1,0 enhet (pers.med. Per Heller).

Fjørfe i Norge

Populasjonsoversikt

Den registrerte populasjonen av fjørfe i Norge inkluderer høns, kalkun, ender og gjess som holdes i kommersiell produksjon (konvensjonell og økologisk). Økologisk fjørfe har tilgang til uteareal. I forbindelse med overføring av smitte fra villfugl anses utegang som en risikofaktor. Fjørfe som holdes for hobbyformål har også ofte utearealer.

En fylkesvis oversikt over antall registrerte besetninger med ulik driftform (økologisk eller konvensjonell) og fjørfekategori (kalkun, ender, gjess, verpehøns, slaktekylling, livkylling) fremgår av tabell 2. Oversiktstabellen er laget ut fra data fra Landbruksregisteret, registeret for produksjonstilskudd og DEBIO`s register. Det eksisterer per i dag ingen oversikt over besetninger med hobbyfjørfe, disse er derfor ikke med i oversikten.

Områder med flest store besetninger er Østfold, Hedmark, Rogaland og Trøndelag. Tabellen skiller mellom økologiske og konvensjonelle besetninger. I de økologiske besetningene har dyrene tilgang til uteareal. Som det fremgår av tabellen har vi 5 verpehønsbesetninger med økologisk drift som er registrert med mer enn 1000 dyr. To av disse befinner seg i Østfold, én i Oppland, én i Vestfold og én i Vest-Agder. Videre er det på landsbasis 86 verpehønsbesetninger med økologisk drift hvor det er registrert mindre enn 1000 dyr.

Tabell 2. Oversikt over antall registrerte fjørfebesetninger i Norge.

Fylke	Driftsform	Kalkun, ender og gjess	Verpehøns (konsum- og rugeeggprodusenter)		Slaktekylling	Livkylling
			<1000 dyr	> 1000 dyr		
Østfold	økologiske	-	5	2	-	-
	konvensjonelle	36	68	67	77	3
Akershus	økologiske	-	7	-	-	-
	konvensjonelle	13	83	22	12	1
Hedmark	økologiske	1	12	-	-	-
	konvensjonelle	27	113	76	104	1
Oppland	økologiske	-	5	1	-	-
	konvensjonelle	12	126	36	8	-
Buskerud	økologiske	-	6	-	-	-
	konvensjonelle	9	94	21	10	1
Vestfold	økologiske	1	4	1	-	-
	konvensjonelle	12	41	29	35	-
Telemark	økologiske	1	1	-	1	-
	konvensjonelle	6	66	27	4	-
Aust-Agder	økologiske	-	3	-	-	-
	konvensjonelle	2	34	23	4	-
Vest-Agder	økologiske	-	1	1	-	-
	konvensjonelle	9	67	23	5	-
Rogaland	økologiske	-	4	-	-	-
	konvensjonelle	21	182	230	74	6
Hordaland	økologiske	1	7	-	-	1
	konvensjonelle	17	156	29	11	1
Sogn og Fj.	økologiske	1	4	-	-	-
	konvensjonelle	6	137	26	1	-
Møre og R.	økologiske	-	5	-	-	-
	Konvensjonelle	9	138	20	3	-
Sør-Trøndelag	økologiske	1	10	-	-	-
	konvensjonelle	21	96	32	55	-
Nord-Trøndelag	økologiske	-	4	-	1	-
	konvensjonelle	6	71	41	55	1
Nordland	økologiske	4	8	-	-	-
	konvensjonelle	21	155	20	-	1
Troms	økologiske	-	-	-	-	-
	konvensjonelle	2	61	9	-	1
Finnmark	økologiske	-	-	-	-	-
	konvensjonelle	1	16	1	-	-

Kilde: Landbruksregisteret, registeret for produksjonstilskudd og DEBIO`s register

Drikkevannsforsyning til fjørfebesetninger i ulike deler av Norge

I en spørreundersøkelse som Veterinærinstituttet gjennomførte i samarbeid med næringen i 2005, inngår opplysninger om en del slaktekyllingbesetningers drikkevannskilde. I tillegg er det i forbindelse med utarbeidelse av denne rapporten innhentet opplysninger om drikkevannsforsyningen til Prior sine verpehønsbesetninger i Akershus, Østfold og Rogaland. Resultatet er vist i tabell 3.

Tabell 3. Eksempler på drikkevannsforsyning i norsk fjørfeproduksjon

Vannkilde	Andel (%) per produksjonsform		
	Slaktekyllingprodusenter	Eggprodusenter Akershus og Østfold	Eggprodusenter Rogaland
<i>Antall</i>	131	52	190
Offentlig vannverk	52 %	88 %	79 %
Privat vannverk	16 %		
Egen vannkilde herav:	32 %	12 %	21 %
- Borevann	50 % (21 stk)	33 % (2 stk)	
- Brønnvann	31 % (13 stk)		
- Bekk	12 % (5 stk)		
- Innsjø, tjern, elv, grunnvann, overflatevann	7 % (3 stk)	67 % (4 stk)	

Selv om tallene ikke gir noen fullstendig oversikt over drikkevannsforsyningen til fjørfebesetninger i Norge, er det grunn til å anta at en stor del av fjørfebesetningene bruker vann fra offentlig vannverk, mens en mindre andel har egen vannkilde.

Bevegelsesmønsteret i norsk fjørfe næring og mulighet for smittespredning

Det finnes mange næringsrelaterte aktiviteter som nødvendiggjør en viss person- og biltrafikk i forbindelse med en fjørfebesetning. Trafikk mellom gårder utgjør en smitterisiko ved at biler og utstyr kan dra med seg smitte til gården fra utemiljø eller fra andre gårder. Transport av dyr og produkter innebærer bruk av biler som besøker flere besetninger og kan dermed dra med seg smitte fra en besetning til en annen. Muligheten for å spre smitte ufrivillig kan imidlertid begrenses betydelig dersom man tar enkle hygieniske forholdsregler.

Transport av egg, både konsumegg og rugeegg, foregår ved at bilen besøker flere besetninger og bilsjåføren går inn i eggrommet på gården for å hente eggene. Disse blir enten kjørt til et eggpakkeri eller til et rugeri. Retur av brukte eggbrett tilbake til konsum- og rugeeggprodusentene er vanlig praksis. Selv om de fleste mottakere praktiserer forskjellige former for desinfeksjon av brettene før resirkulering, er ikke alle metoder dokumentert effektivt mot verken virus, bakterier eller parasitter. En del rugeegg til foreldredyr importeres fra utlandet.

Transport av daggamle kyllinger foregår gjerne i spesialkonstruerte biler eid av rugeriene. Kyllingene hentes fra rugeriet i store antall som da blir delt mellom flere besetninger i et område. Transport av daggamle kyllinger gjelder for slaktekylling, kalkun, and og oppal av verpehøner. En del besteforeldre- og foreldredyr blir importert fra utlandet som daggamle kyllinger.

Eggproduserende høner blir levert som daggamle kyllinger til oppal, hvor de går i 15-16 uker før de blir transportert videre til eggprodusentene. Dette gjelder både for konsum- og rugeeggproduksjon. Igjen innebærer dette at en transportbil leverer levende dyr til flere gårder under en leveranse. Det er vanlig at transportpersonell går inn hønehuset i forbindelse med leveransen. Som oftest er da hønehuset tomt og rengjort, men det er fortsatt enkelte små produsenter som kan ha eldre høner i huset.

Henting av dyr til slakt er også et punkt der smittestoffer kan spres mellom besetninger. Dette gjelder kylling, kalkun, and, gås og utrangerte verpehøner (både avlsdyr og konsumeggproduksjon). I slike

situasjoner er ofte mange personer involvert, og det brukes også ved en del anledninger maskinell plukking (slaktekylling). Spesielt utsatt er man ved delt utslakting. Her blir bare en del av flokken slaktet i første omgang, mens resterende dyr slaktes på et senere tidspunkt. Dette gjelder særlig for kalkun, men også enkelte kyllingflokker blir slaktet på denne måten.

Annen trafikk som medfører kontakt mellom besetninger er fôrleveranser og besøk av fagpersonell.

Villfugl

Generelt om trekkruiter, rasteområder og overvintringssteder for ville fugler som hekker i Norge

Et mindretall av våre fuglearter er stasjonære i hekkeområdene hele året (standfugler). Noen arter forflytter seg i større eller mindre grad i et uregelmessig mønster utenom hekkesesongen, og betegnes som streif- eller invasjonsarter. De fleste artene foretar imidlertid regulære sesongmessige vandringer til spesifikke overvintringsområder (trekkfugler). For mange arter er det vanlig at bare deler av bestander trekker, mens de resterende overvintre. I vinterområdene, og i rasteområdene langs trekkrutene, skjer det en konsentrering av fugler innen samme art med ulikt opphav, og ofte også en sammenblanding av arter. Vinterområder og rasteområder langs trekkruiter blir følgelig kontaktpunkter som øker muligheten for smitteoverføring innen og mellom arter.

Det finnes fem ulike nord/sør hovedtrekkruiter i Eurasia (Vedlegg 2, kart 1). Norge er del av den vestligste av disse - den øst-atlantiske hovedtrekkruta. Utbrudd av HPAI-H5N1 er så langt ikke påvist innafør denne hovedtrekkruta (Vedlegg 2, kart 2). Den øst-atlantiske hovedtrekkruta overlapper imidlertid både med Svartehav/Middelhavsruta og den øst-afrikanske/vest-asiatiske trekkruta, som begge innbefatter områder med sykdomsutbrudd. Overlappingsområdene mellom disse tre hovedtrekkrutene omfatter felles hekkeområder i europeisk og asiatisk del av Nord-Russland, og felles overvintringsområder i Vest-Afrika.

De aller fleste artene av trekkfugl som hekker i Norge følger den øst-atlantiske hovedtrekkruta til overvintringsområder i Vest- og Sørvest-Europa (kortdistansetrek), eller vestlige deler av Afrika (langdistansetrek). Noen få arter, eller deler av populasjoner, kan imidlertid også trekke til områder ved Svartehavet/Middelhavet, og følgelig komme i kontakt med utbruddsområdene i Sørøst-Europa og Sørvest-Asia. I tillegg vil fugletrekk fra Vest-Afrika enkelte år kunne følge en mer østlig rute.

I tillegg til nord/sør trekk foregår det i varierende grad også øst/vest forflytninger av fugl. I hovedsak skjer dette i innenfor de enkelte hovedtrekkrutene, men i en viss utstrekning er det også øst/vest forflytninger av fugl mellom tilgrensende hovedtrekkruiter, for eksempel av andefugler fra hekkeområder i Russland til overvintringsområder i Vest-Europa.

Kompleksiteten i trekkmønsteret er stor, både mellom og innen ulike arter av fugl. Dette forholdet vanskeliggjør vurderingen av potensielle spredningsveier for H5N1 via trekkfugl.

I det etterfølgende vil det bli fokusert på et utvalg av antatte risikoarter.

Generelt om risikoarter av villfugl i Norge

Hvilke arter av villfugl som utgjør størst risiko med tanke på smitteintroduksjon med HPAI-H5N1 til fjørfe i Norge, må være gjenstand for en løpende vurdering. Det må legges vekt på kunnskap om artene sin mottakelighet for infeksjon, kombinert med vurderinger av tetthet, leveområder, trekkforhold og konsentrasjonsområder, knyttet opp mot lokalisasjon og tetthet av fjørfeoppdrett.

HPAI-H5N1 er påvist hos et stort spekter av fugler, men større sykdomsutbrudd hos villfugl synes avgrenset til vannfugl. Også sannsynlig introduksjon av HPAI-H5N1 til nye områder via villfugl synes knyttet til konsentrasjonsområder for vannfugl under trekk.

I denne rapporten definerer vi andefugler (ender, svaner, gjess) og vadere knyttet til ferskvannsbiotoper (ferskvann, våtmark) og dyrket mark, samt måkefugler, som de viktigste risikogrupperne av fugl mhp. introduksjon av HPAI-virus til fjørfe. Typisk marine andefugler og vadere vurderes til å utgjøre en mindre

risiko. Andre grupper av fugl vil trolig først og fremst utgjøre en smittefare til fjørfe dersom smitten allerede er introdusert til Norge via risikoartene.

Andefuglene overvintrer dels ved åpent vann/sjø i Norge, mens andre deler av populasjonene trekker mot Vest- eller Sør-Europa (kortdistansetrekker). Det samme gjør seg gjeldene for måkefugler. I gruppen av vadefugler finnes det både kortdistansetrekker, og arter som trekker så langt sør som til Afrika (langdistansetrekker).

Trekkruiter og overvintringssteder for spesifikke risikoarter

Det er gjort et utvalg av spesifikke arter av ande-, vade- og måkefugler som kan utgjøre en risiko for smitteintroduksjon til fjørfe.

Det er utarbeidet kart (Vedlegg 3, kart 1-23) som viser trekkbevegelser for de enkelte artene, basert på gjenfunn i Norge av fugler som er ringmerket i utlandet, og gjenfunn i utlandet av fugler som er ringmerket i Norge. Kartene viser også artenes hekke- og vinterutbredelse her i landet.

Det er også utarbeidet en tekstpresentasjon av hovedtrekkene i trekkmønster og overvintringsområder for de ulike risikoartene. Det må presiseres at det finnes individer som bryter med fastlagte mønstre, og som kan trekke til helt andre områder.

Ender

Stokkand: Deler av våre stokkandpopulasjoner forlater landet, og disse synes å oppholde seg rundt Nordsjøen. Flere stokkender merket om vinteren har senere blitt funnet i Sverige, Finland og Russland. Norge er således overvintringsområde, eventuelt stoppested, for fugler som kommer fra disse landene.

Brunnake: Hekkebestandene i Fennoskandia, og Russland øst til Jenisej og sør til 50°N, trekker til vinterkvarterer i vest og sørvest Europa, særlig vestkysten av Tyskland til Frankrike og De britiske øyer. De som hekker i vestlige og sentrale Sibir (øst til Irkutsk) overvintrer i Kaspiahavet, Svartehavet, og vest til Middelhavet.

Krikkand: En omfattende ringmerking har vist at det finnes en rekke trekkveier, men at disse kan overlappe og også endre seg noe fra år til år. De fleste krikkender fra nordlige Russland, Baltikum, Fennoskandia, nordlige deler av Polen, nordlige Tyskland og Danmark trekker mot sørvest om høsten og overvintrer i Nordsjøområdet - vesentlig Nederland og De britiske øyer. Andre krikkender fra østligere områder i nordlige Russland trekker gjennom det sentrale Europa til Spania, Sør-Frankrike og Italia. Det kan være utvekslinger mellom disse trekkveiene fra det ene året til det andre. Krikkender fra de vestlige sentrale delene av Russland og Ukraina trekker via Svartehavet og Balkan til overvintringsområder i Hellas og Tyrkia.

Toppand: Toppender fra Fennoskandia, Polen, Baltikum og Russland nord for 55°N og mot øst til 65°N trekker for det meste mot sørvest til Nederland og De britiske øyer. Mange blir værende i Baltikum. Toppender fra de sørlige og sentrale deler av Russland, inklusive vestlige Sibir, overvintrer i østlige deler av Middelhavet og Svartehavet, med betydelige konsentrasjoner i Donau-deltaet, Hellas og Tyrkia.

Kvinand: Kvinender fra Fennoskandia, Polen, Baltikum og nordvestlige Russland overvintrer for det meste i Baltikum, Danmark, Nederland og De britiske øyer.

Svaner

Knoppsvane: I Skandinavia, nordlige del av Tyskland, og videre mot øst til Estland, er knoppsvanen i det vesentlige trekkfugl, selv om avstandene kan være relativt korte. Mange ikke-hekkere trekker til Øresundsområdet for å myte. Hekkebestanden i Rogaland synes å være relativt stasjonær, idet få forlater fylket om vinteren. Deler av bestanden øst for Lindesnes forlater landet dersom vintertemperaturen blir for lav, og de trekker da i det vesentlige til Danmark, og enkelte også til vestkysten av Sverige.

Sangsvane: De russiske og fennoskandiske bestandene trekker over Kvitsjøen og det østlige Baltikum til overvintringsområder langs kysten av Nord-Tyskland, Danmark og Sverige. Overvintrende sangsvaner i østlige Middelhavet, Svartehavet, Kaspiahavet og Aralsjøen kommer fra de mer østlige hekkeområdene. Den islandske hekkebestanden overvintrer i Storbritannia og delvis i Norge.

Gjess

Sædgås: Høsttrekket til de norske sædgjessene berører i liten grad Norge. De forlater hekkeområdene i Finnmark, og de fleste trekker gjennom Finland og sørlige del av Sverige til overvintringsområder som

strekker seg fra sørlige del av Sverige til Nederland. Her møter de også individer fra den nordvestre delen av Sibir. Vårtrekket er forholdsvis konsentrert, og går over innlandet i Norge.

Kortnebbgås: Kortnebbgåsa hekker i arktiske områder. Hekkebestandene på Grønland og Island overvintrer i det vesentlige i Storbritannia. Hekkebestanden på Svalbard trekker i det vesentlige langs kysten av Nord-Norge, og videre over Midt- og Sør-Norge til overvintringsområdene langs kysten av Danmark til Belgia og Frankrike. De viktigste rasteområdene under trekk til Svalbard er rundt indre deler av Trondheimsfjorden og i Vesterålen. En stor del av bestanden raster i begge områder. Rasting i Sør-Norge skjer bare i mindre omfang. Både i Nord-Trøndelag og i Vesterålen beiter kortnebbgås i stor grad på dyrket mark.

Dverggås: Den vestlige delen av hekkebestanden (vest for Ural) trekker til overvintringsområder rundt Svartehavet og Kaspiahavet. Dverggåsa hekker i Finmark, og ankommer via en østlig trekkroute langs Østersjøen. Ved ankomst raster de fleste ved Stabbursneset i Porsangerfjorden. Den fennoskandiske bestanden av dverggås har de senere årene blitt ekstremt liten (utryddingstrua).

Grågås: Hovedtyngden av de norske grågjessene trekker langs kysten og krysser over til Danmark fra Agder-fylkene. Etter rasting i Jylland flyr de videre langs Nordsjøkysten til Nederland, og enkelte også til Spania. Grågjess fra indre deler av Oslofjorden trekker senere og kortere. Vårtrekket følger de samme ruter som høsttrekket. Grågjess som hekker i Sør- og Midt-Norge vil normalt trekke direkte til sine hekkeplasser, og det er bare unntaksvis at de raster i større antall. Dette skjer imidlertid regelmessig på Jæren. Gjess som hekker i Nord-Norge kan også ha rasteområder underveis, men slike rasteområder er ikke kjent (noen av disse gjessene kan raste på Jæren). På hekkeplassene vil et stort flertall av grågjessene beite på dyrket mark etter ankomst, før de trekker ut i utmarka for å finne reirplasser.

Kanadagås: De fleste kanadagjessene oppholder seg i Norge hele året, men noen forlater landet. De ulike bestandene har ulike trekkvaner, og disse har endret seg over tid. Tidligere overvintret de fleste fra Trøndelag i Trondheimsfjorden, men nå trekker de noe lenger sør i Norge. I de siste 25 årene har noen overvintret i Danmark, Tyskland og sørvestre deler av Sverige. Dette er i hovedsak kanadagjess fra Sør- og Østlandet. Vårtrekket synes å gå direkte fra overvintringsområder til hekkeplasser. Kanadagåsa hekker tallrikt på Østlandet og i Trøndelag, men fåtallig på Jæren.

Hvitkinngås: Svalbardbestanden forlater hekkeområdene i september og oktober, og noen flyr trolig direkte til Storbritannia, mens andre, trolig de fleste, raster på Bjørnøya før de fortsetter langs norskekysten til overvintringsområdene ved Solway Firth (Storbritannia). Fugler som hekker i indre del av Oslofjorden, overvintrer i Nederland. Dette er overvintringsområdet til de fleste svenske, baltiske og russiske bestandene. Svalbardfuglene forlater Solway Firth tidlig i mai, og store flokker raster på Helgelandskysten fra Vega til Vesterålen.

Ringgås: Den russiske bestanden (nominatunderarten) forlater de nordlige hekkeområdene og trekker over Kvitsjøen ned langs Bottenhavet, til strekningen mellom Danmark sørøst England og vestlige Frankrike. Underarten *hrota* fra Grønland og de canadiske øyene i Arktis overvintrer i områdene rundt Irland. Hekkefugl fra Svalbard og Franz Josef Land (også underarten *hrota*) flyr langs norskekysten til overvintringsområder i Danmark og Northumberland. Om våren samler de seg i Danmark før de trekker mot nord i siste halvdel av mai.

Vadere

Tjeld: Tjelden er en marin vader som er inkludert på grunn av at denne fuglen i perioder kan beite innover land i kystområdene. Den norske bestanden overvintrer i områdene rundt Nordsjøen, særlig i den østlige del av England og de tysk-nederlandske delene av Vadehavet. Bestandene i Baltikum og nordlige delene av Russland antas å overvintre i Vadehavet og den kontinentale del av Europa.

Vipe: Allerede i mai og juni kan enkelte foreta lange vandringer. Fugler fra bl. a. Ungarn, Tjekkia og Sveits trekker mot vest og nordvest til Nederland, Belgia og Storbritannia, mens andre trekker til Italia og sørlige Frankrike. Disse sommerbevegelsene går over til høsttrekk, og det foregår et bredfrontstrekk mot sørvest, videre langs vestkysten av Europa til Iberia-halvøya og videre til Nord-Afrika. Storbritannia er et viktig vintertilholdssted for de skandinaviske vipene. For de vest- og sentraleuropeiske vipene er Frankrike og Iberia viktige vinterkvarterer, mens Italia er viktig for de østlige bestandene i Europa.

Brushane: De fleste brushaner er merket som flygedyktige under høsttrekket, og således vet vi ikke med sikkerhet hvor de kommer fra. Merkinger utført langs vestkysten av Norge tyder på at de følger vestkysten av Europa på sin vei til vinterkvarteret i Afrika (sør for Sahara). Merkinger utført i Varanger-området, viser at en del av disse velger en mer direkte sørlig trekkroute gjennom Finland og Ukraina før de møtes i de samme områdene i Afrika. Gjenfunn fra vårtrekket tyder på en mer direkte, nordøstlig trekkvei til hekkeplassene nord og øst i Russland.

Storspove: Majoriteten av de norske storspovene tilbringer vinteren på De britiske øyene, som også er et viktig overvintringsområde for svenske og finske storspover. Storspover fra sentral- og øst-Europa overvintrer i det vesentlige i Middelhavsområdet.

Måker

Hettemåke: Det viktigste overvintringsområdet for norske hettemåker er landene rundt Nordsjøen. De britiske hettemåkene er stort sett stasjonære, fennoskandiske og baltiske hettemåker overvintrer langs nordsjøkysten, og enkelte går sør til Iberia-halvøya og Middelhavet. Dette er også viktige områder for sentraleuropeiske hettemåker. Hettemåker fra Russland og Hviterusland trekker til overvintringsområder i den østlige del av Middelhavet, Svartehavet og Kaukasus.

Fiskemåke: Bestandene i nordvest-Europa øst til Kvitsjøen overvintrer i kystområdene fra Baltikum til Storbritannia, og enkelte kan i kalde vintrer også fortsette til Spania/Portugal og vestlige Middelhavet. Vinterbestanden av fiskemåker i Norge omfatter fugler fra nordlige Sverge, Finland og nordvestlige Russland. Østligere bestander i Russland antas å overvintre lenger mot øst.

Gråmåke: Trekkfugl i de nordlige områdene. Gjenfunn indikerer at fugler fra Kvitsjøen trekker over land til Baltikum, og trolig overvintrer der. Fugler fra Murmansk trekker langs kysten av Norge til nordsjølandene. Gråmåker fra Nord-Norge trekker lenger mot sør enn de fra Sør-Norge. Vår nordlige bestand synes å overvintrer langs vestkysten av Europa, særlig i Nederland og Frankrike. Våre sørlige bestander trekker i det vesentlige ikke lenger enn til Danmark.

Svartbak: Bestandene fra Nord-Norge og Murmansk trekker mot kysten av Sør-Norge hvor de møter de møter fugler herfra. Fugler fra Murmansk og Norge overvintrer i fellesskap i kystområdene rundt Nordsjøen. Svartbaker fra Sverige og Finland overvintrer for det meste i den vestlige delen av Baltikum og Skagerrak. Utveksling mellom disse to overvintringsområdene er ikke uvanlig.

Sildemåke: Den vestlige bestanden som hekker fra Island, De britiske øyer, Nederland til de sørlige delene av Skandinavia, trekker langs vestkysten av Europa og vestkysten av Afrika til Guineabukta.

Overvintringsområdene strekker seg fra vestkysten av Europa til Guineabukta. De nordlige og sentrale bestandene hekker i sør fra Bornholm, østlige del av Sverige, nordlige delene av Norge, og i Finland og nordvestlige Russland. Disse har en sør og sørøstlig trekkretning over land til den østlige del av Middelhavet og Svartehavet. Noen overvintrer her, mens andre fortsetter til bl. a. Rødehavet, Persiabukta og østkysten av Afrika. De nordøstlige bestandene i Russland overvintrer i det vesentlige lenger mot øst.

Oppsummering

De aller fleste av våre trekkende svaner, gjess og mest aktuelle ender overvintrer i vestlige deler av Europa, dvs. i områder hvor HPAI-H5N1 så langt ikke er påvist. Fuglene kan imidlertid komme i kontakt med individer fra Russland som dels også overvintrer i disse områdene. De fleste av de russiske individene kommer fra de sentrale og nordlige delene av landet, og flest fra den europeiske delen av Russland. Fugler fra den asiatiske delen av landet har som regel andre trekkruiter og overvintringsområder. Unntaket fra denne generelle betraktningen er dverggås, som overvintrer i områdene rundt Svartehavet og Kaspiahavet. Dverggåsa er imidlertid svært fåtallig i Norge, og sjansen for direkte kontakt med fjørfe under hekking i Finmark er svært liten.

De vaderartene som er trukket frem, har også, med unntak av brushane, overvintringsområder i Vest-Europa. Brushanen overvintrer i Afrika sør for Sahara.

Måkene har i grove trekk et felles trekk- og overvintringsmønster. De norske bestandene overvintrer langs vestkysten av Europa hvor de kommer i kontakt med andre nordeuropeiske bestander. I Norge overvintrer det måker fra de nordøstlige delene av Europa, bl. a. Russland.

Også for måkene er det et unntak, idet den nordlige delen av vår sildemåkebestand (underarten *fuscus*), har en mer sørøstlig trekkretning, og overvintrer i det minste delvis i Svartehavsområdet. Enkelte av våre sørlige sildemåker overvintrer i Nord-Afrika.

Viktige rasteområder for spesifikke risikoarter i Norge under vårtrekket

Ender og svaner

Det er utarbeidet et oversiktskart (Figur 2) som viser områder med høy kjernetetthet av rasteområder for ender og svaner i Norge. Kjernetettheten er estimert fra punktmarkering av rasteplasser registrert i Direktoratet for naturforvaltning (DN) sin naturdatabase. Datagrunnlag fra DNs naturdatabase, og kartmetodene som er benyttet, er nærmere omtalt i Vedlegg 4.

Høy kjernetetthet av rasteområder for ender og svaner omfatter Rogalandsområdet, sentrale deler av Østlandet og Nord-Trøndelag, dvs. regioner som har høy tetthet av fjørfe.

Tilsvarende data som for ender og svaner, er ikke tilgjengelige for gjess, vadere og måker.

Gjess

Den viktigste kjente rasteplassen for grågås er på Jæren, mens kortnebbgåsa har viktige rasteområder rundt Trondheimsfjorden og i Vesterålen. Hvitkinngåsa har rasteplasser på Helgelandskysten fra Vega til Vesterålen. For de øvrige gåsartene kjenner en ikke til større rastingsområder under trekk her i landet.

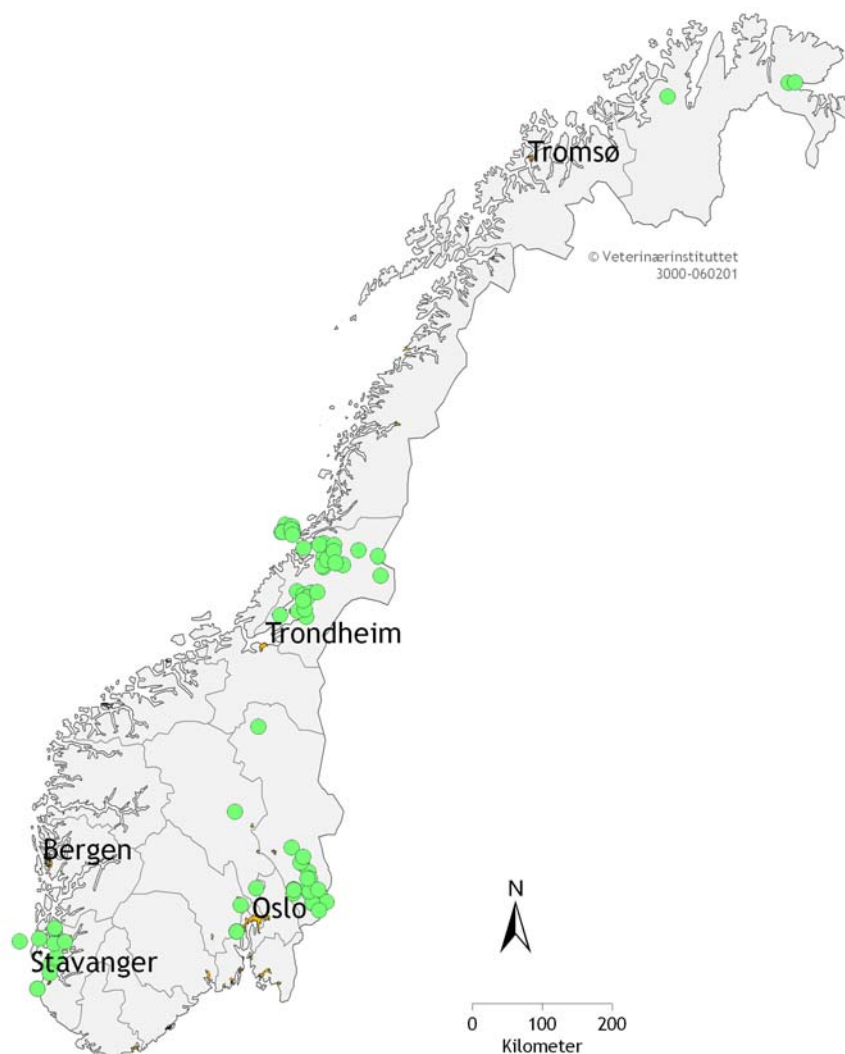
Vadere

Rasteområder for ferskvannsvadere vil dels overlappe med rasteområder for ender. Vaderne vil imidlertid generelt ha en raskere fordeling og spredning til leveområdene, og følgelig opptre i mindre og kortere tids konsentrasjoner enn andefugl. De første vaderne som kommer til landet, vil være tjeld, storspove og vipe. Disse kommer direkte fra overvintringsområdene rundt Nordsjøen, og har ingen kjente store rasteplasser i Norge. Disse artene er i større eller mindre grad knyttet til dyrket mark, enten for hekking (som vipe og storspove), eller i perioder for beiting i kystområdene (tjeld).

En del arter av vadere som har sine hekkeområder lenger nord og øst i Skandinavia og videre inn i Russland, passerer Norge i store antall om høsten. Om våren har disse en mer østlig trekkroute via Østersjøen, slik at de bare i liten grad berører Norge. Et unntak er polarsnipe som kan raste i store antall om våren på et fåtall lokaliteter i Troms og Finnmark. Dette er fugler som skal videre til hekkeområdene på Grønland og i Canada.

Måkefugler

For måkene finnes ikke spesifikke rasteområder knyttet til trekk. Men ungfugler og ikke-hekkende individer kan trekke inn mot parkanlegg m.m. i byene. Slike områder representerer konsentrasjonspunkter for måker, med stor tetthet, og kontaktpunkter til andefugl.



Figur 2. Viktige rasteplasser for ender og svaner under vårtrekket er illustrert med grønt.

Andre arter som potensielt kan trekke til Norge fra utbruddsområdene i Sørøst-Europa og Sørvest-Asia

Arter som overvintrer i Afrika kan under vårtrekket trekke så langt øst at det berører Svartehav-/Middelhavregionen, inkludert Tyrkia. Fugler ringmerket i Norge har imidlertid i liten grad blitt rapportert fra Tyrkia - 10 gjennfunn fordelt på syv arter (fjellvåk, tornskate, rødstrupe, linerle, munk, møller og gråtrost). Bortsett fra linerle er dette arter som normalt ikke kommer i kontakt med fjørfe.

Det finnes også arter som overvintrer i Asia, bl. a. blåstrupe, men dette er også en art som ikke kommer i kontakt med fjørfe under normale omstendigheter.

Storskarv av underarten *sinensis*, som har sin utbredelse i Danmark og det øvrige kontinentale Europa, har de senere årene begynt å hekke langs kysten av Sør-Norge, fra Østfold til Rogaland. Trekkveiene til den trekkende delen av denne bestanden følger elvesystemene mot Middelhavet. Den største kolonien finnes i Øra-området i Østfold.

Vurdering av risiko for smitte med HPAI -H5N1 fra ville fugler til fjørfe og andre fugler holdt i fangenskap i tilknytning til vårtrekket 2006

Smittestatus hos villfugl i Norge / den øst-atlantiske hovedtrekkruta per januar 2006

Det er så langt ikke påvist sykdomsutbrudd forårsaket HPAI-H5N1 i land som inngår i den øst-atlantiske hovedtrekkruta. Det er heller ikke påvist LPAI-H5N1 hos et stort antall ville fugler prøvetatt i europeisk del av denne trekkruta i 2. halvår 2005.

I EU-området omfattet undersøkelsene ca. 25.000 villfugl. En betydelig del av analysene ble imidlertid gjennomført med basis av virusdyrking, og ikke molekylærbiologiske metoder (PCR), noe som svekker muligheten for å fange opp tilstedeværelse av H5N1-infeksjon.

I Norge ble det i 2. halvår 2005, i regi av overvåkingsprogrammet for AI hos villfugl, samlet inn prøver fra 200 grågås og 433 ender skutt under jakt for PCR-screening mhp. AI-virus. Det ble ikke påvist AI-virus i noen av prøvene fra grågås. Hos ender er 63 (21 %) av 296 så langt undersøkte prøver funnet positive for AI-virus. Alle er karakterisert som lavpatogene stammer av ulike subtyper: H1N1, H3N2/2/8, H5N2, H6N2, H6N8, H8N4, H9N2. Viruspositive ender omfatter arter som stokkand, brunnakke, krikand og svartand.

Sannsynlighet for smitteintroduksjon til Norge via villfugl under vårtrekket

Vi har lite kunnskap om bærerskap av HPAI-H5N1 hos villfugl. Derfor er det ikke mulig å angi noen eksakt sannsynlighet for at noen av trekkfuglene kan være smittebærere når de ankommer Norge. På grunn av det lave antallet fugler som kan komme fra områder med pågående utbrudd, anses sannsynligheten for at HPAI-H5N1 skal introduseres til Norge via vårtrekket 2006 som lav.

Sannsynligheten for at det kan komme smittebærende fugl til Norge via vårtrekket vil avhenge av utviklingen i den epidemiologiske situasjonen i Europa, Afrika og Svartehav/Middelhav/Midtøsten-området når vårtrekket setter inn. Denne sannsynligheten vil øke betydelig dersom det oppstår sykdomsutbrudd i afrikansk, og spesielt europeisk del, av vår hovedtrekkroute.

Utbruddsområdene i Sørøst-Europa og Sørvest-Asia ligger utenfor vår hovedtrekkroute. Av våre fuglebestander vil bare en liten andel, dvs. et begrenset antall, arter overvintre/trekke så langt øst at de kan komme i berøring med disse områdene. De aktuelle artene omfatter i liten grad de definerte risikoartene. Det skulle følgelig være lav sannsynlighet for smitteintroduksjon til Norge via trekkfugl fra disse utbruddsområdene.

Sannsynligheten for smitteintroduksjon til Norge vil øke dersom det opptrer sykdomsutbrudd i Afrika, og spesielt i Vest-Afrika. Vestlige deler av Afrika er del av vår hovedtrekkroute, og overvintringsområde for et betydelig antall arter som hekker i Norge. Disse omfatter enkelte vaderarter, men generelt ikke våre ande- og måkefugler.

Dersom det skulle oppstå sykdomsutbrudd i Vest-Europa, vil sannsynligheten for smitteintroduksjon til Norge via vårtrekket øke ytterligere. Vest-Europa utgjør hovedovervintringsområdet for den trekkende delen av våre viktigste ande- og måkefuglbestander, og også for viktige vadefugler.

Områder i Norge som kan være spesielt utsatt for smitte fra villfugl

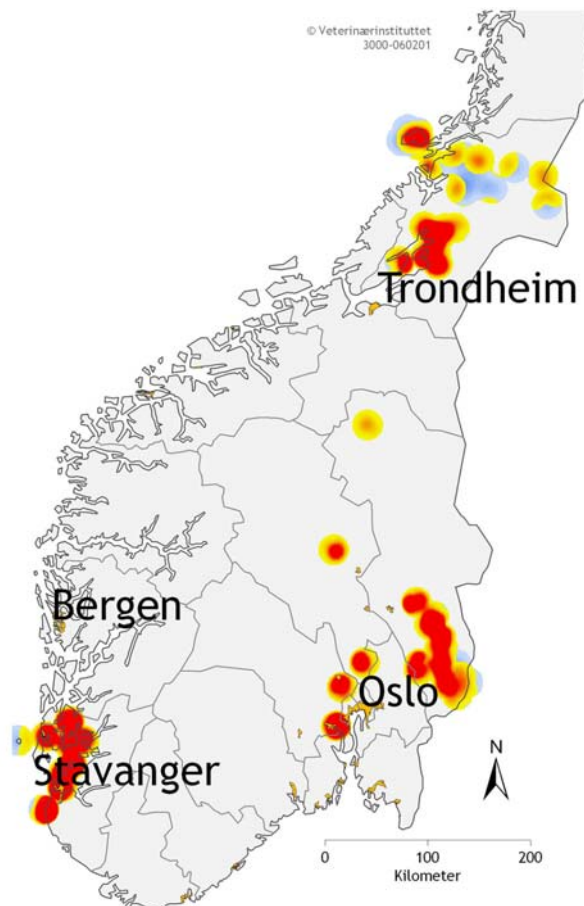
Mange av våre antatte risikoarter hekker over store deler av landet, og kan derfor i prinsippet introdusere smitte hvor som helst. Det er imidlertid grunn til å anta at sannsynligheten for smitteintroduksjon fra villfugl vil være størst i Sør-Norge av følgende grunner:

Generelt vil sannsynligheten for introduksjon av smitte fra villfugl være størst i områder der det opptrer spesielle konsentrasjoner av fugl knyttet til rasteplasser. Sannsynligheten for smitteoverføring fra villfugl til fjørfe vil også være størst i slike rasteområder der det er mulighet for direkte eller indirekte kontakt mellom disse.

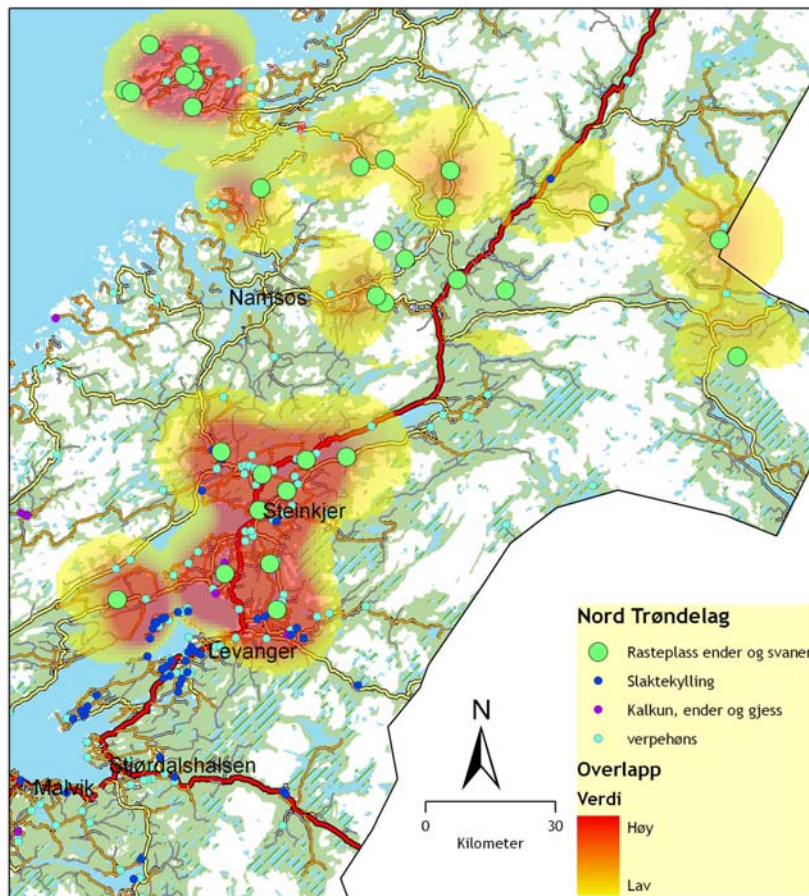
For å komme fram til områder i Norge hvor fjørfe kan være spesielt utsatt for smitte fra rastende villfugl, har vi sett nærmere på graden av overlapp av viktige rasteområder for ender og svaner (fig. 2) i kombinasjon med fjørfebesetninger i Norge. Slike overlappende områder er framstilt i figur 3. Nærmere beskrivelse av databaser og kartmetoder er angitt i vedlegg 4.

Områder med høy grad av overlapp mellom rasteplasser for ender/svaner og fjørfe, omfatter Nord-Trøndelag, Rogaland og Østlandet (Vestfold, Buskerud, Oppland, Akershus, Hedmark). Figur 4, 5, og 6 viser en mer detaljert oversikt over disse regionene. Rogaland (Jæren) har i tillegg viktige rasteplasser for grågås, men disse er ikke vist på figurene.

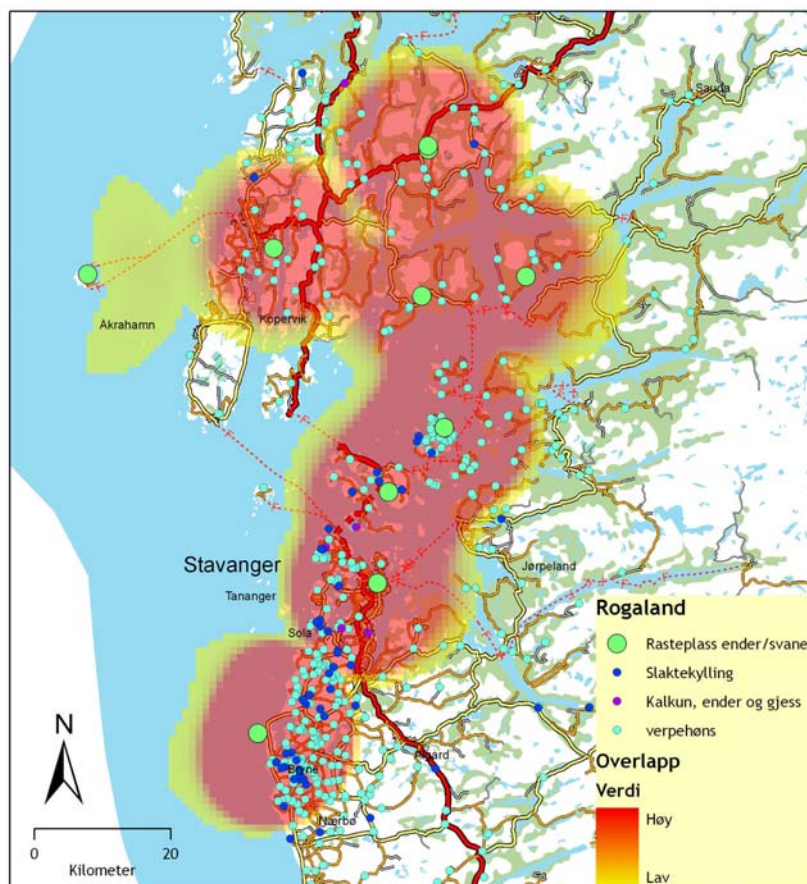
Det er grunn til å betrakte alle de tre fjørfetette regionene i Nord-Trøndelag, Rogaland og på Østlandet som spesielt utsatt for smitte fra ender og svaner. I tillegg til de nevnte områdene er det grunn til å betrakte hele Oslofjordområdet som et utsatt område.



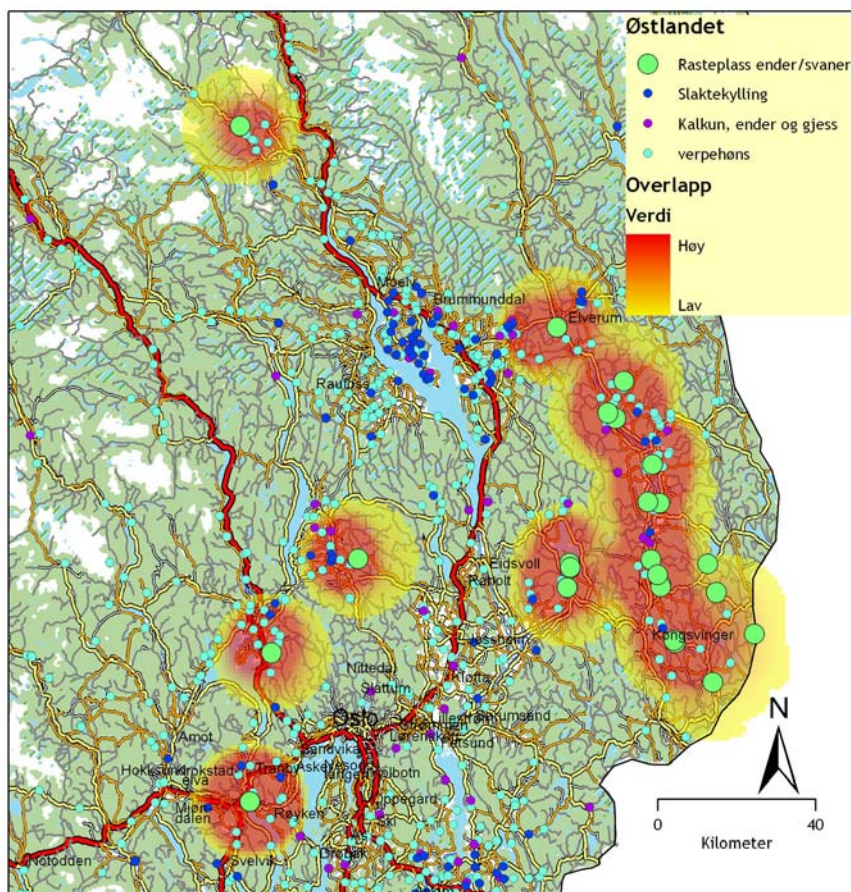
Figur 3. Overlapping mellom viktige rasteplasser for ender/svaner og fjørfebesetninger er illustrert med grader av rødt. Fargekoder: Blått=rasteplass uten overlapp med fjørfebesetning; Gult=noen grad av overlapp mellom rasteplass og fjørfebesetning; Rødt=stor grad av overlapp mellom rasteplass og fjørfebesetning.



Figur 4. Overlapping mellom viktige rasteplasser for ender/svaner og fjørfebesetninger i Nord-Trøndelag.



Figur 5. Overlapping mellom viktige rasteplasser for ender/svaner og fjørfebesetninger i Rogaland.



Figur 6. Overlapping mellom viktige rasteplasser for ender/svaner og fjørfebesetninger på Østlandet.

Smitteveier og konsekvenser ved smitte fra villfugl til fjørfe i tilknytning til vårtrekket 2006

Ved en eventuell introduksjon av smitte av HPAI-H5N1 fra villfugl til fjørfe synes følgende smittemåter mest sannsynlig:

- ◆ Direkte kontakt mellom fjørfe og smittet villfugl
- ◆ Virusholdig drikkevann fra elv/vassdrag med infisert villfugl
- ◆ Faeces-kontaminert materiale introduseres i besetningen pga. dårlige hygienrutiner

Dersom det skulle skje at HPAI-H5N1 ble introdusert til Norge med trekkfugl, vil konsekvensene av dette være avhengige av mange forhold. Vitenskapskomiteen har i sin rapport av 18.01.06 beskrevet scenarier som illustrerer noen av konsekvensene ved en slik smitteintroduksjon med HPAI-N5N1 til fjørfe i Norge [20]. Veterinærinstituttet henviser til denne rapporten for utredning ulike scenarier.

Vi vil understreke betydningen av at det raskt stilles korrekt diagnose i indeksbesetningen ved et evt. utbrudd av HPAI-H5N1 i den norske fjørfebefolkningen. Beliggenhet og type av besetning vil påvirke mulighetene for å begrense konsekvensene av utbruddet.

Utegående fjørfe (hobbyfjørfe og fjørfe i økologiske besetninger) i de definerte risikområdene er mest utsatt. Fjørfe med drikkevannsforsyning som tas fra overflatevann i disse områdene, kan være utsatt selv om de holdes innendørs.

Dersom indeksbesetningen skulle ha produksjonsdyr av kjøtttybrier, vil vi også påpeke muligheten for smittespredning i forbindelse med plukking og transport av disse. I denne forbindelse bør man ha et spesielt fokus på besetninger med delt utslakting (slaktekylling og kalkun). I eggproduksjonen vil bruk av

resirkulert eggemballasje kunne være en risikofaktor for spredning av smitte til nye vernehønsbesetninger.

Det verst tenkelige scenario er dersom det skulle bli utbrudd av HPAI-H5N1 i en av de store oppformeringsbesetningene i Rogaland. Dette er det mest fjørfetette området i Norge med mye kontakt med store deler av landet. Her skjer det transport av et stort antall daggamle kyllinger og livkylling til både Østlandet og Trøndelag.

Dersom det faktisk er slik at det kan forekomme friske smittebærende villfugler med HPAI-H5N1, vil vi også påpeke muligheten for at smitten da kan introduseres med villfugl under vårtrekket uten at det blir oppdaget. Det er da en teoretisk mulighet for videre oppbygging av smitte i villfuglepopulasjonen i løpet av hekkesesongen. Overvåkning av ville fugler i risikoområdene vil derfor være av stor betydning for å oppdage smitten raskt.

Konklusjon

Det er lite kunnskap om bærerskap av HPAI-H5N1 hos villfugl. Man antar likevel at trekkfugl spiller en viktig rolle for spredning av viruset til fjørfe og villfugl i nye områder. Under forutsetning av at HPAI-H5N1 ikke sprer seg til vestlige deler av Afrika og/eller Vest-Europa, mener Veterinærinstituttet at det er lite sannsynlig at smitte skal introduseres til Norge med trekkfugl i løpet av vårtrekket 2006.

Dersom smitte skulle introduseres med trekkfugl, er det grunn til å betrakte alle de tre fjørfetette regionene i Nord-Trøndelag, Rogaland og Østlandet (Vestfold, Buskerud, Oppland, Akershus, Hedmark) som spesielt utsatt for smitte fra ender og svaner. I tillegg er det grunn til å betrakte hele Oslofjordområdet, som et utsatt område. Utegående fjørfe (hobbyfjørfe og fjørfe i økologiske besetninger) i de definerte risikoområdene og fjørfe med drikkevannsforsyning som tas fra overflatevann i disse områdene vil være mest utsatt.

Konsekvensene ved en introduksjon av HPAI-H5N1 til fjørfe i Norge, vil være avhengig av mange forhold. Beliggenheten av den besetningen som først rammes (indeksbesetningen), besetningstypen og kontakt med andre deler av fjørfenæringa på utbruddstidspunktet vil være av stor betydning. Hvor raskt korrekt diagnose stilles, vil også være avgjørende for konsekvensene av et evt. utbrudd av HPAI-H5N1 i Norge. Veterinærinstituttet anbefaler at fjørfeflokker og ville fugler i risikoområdene overvåkes.

Referanser

1. Gjevne A G, Handeland K, Lyngstad T, Ytrehus B. Risiko for smitte med høypatogen aviær influensa (HPAI) H5N1 fra ville fugler til fjørfe og andre fugler holdt i fangenskap i Norge. En vurdering av situasjonen per november 2005. *Rapport* 2005; 1-27.
2. Ellis T M, Bousfield R B, Bissett L A, Dyrting K C, Luk G S, Tsim S T, Sturm-Ramirez K, Webster R G, Guan Y, Malik Peiris J S. Investigation of outbreaks of highly pathogenic H5N1 avian influenza in waterfowl and wild birds in Hong Kong in late 2002. *Avian Pathol.* 2004; 33: 492-505.
3. Elbers A R, Fabri T H, de Vries T S, de Wit J J, Pijpers A, Koch G. The highly pathogenic avian influenza A (H7N7) virus epidemic in The Netherlands in 2003--lessons learned from the first five outbreaks. *Avian Dis.* 2004; 48: 691-705.
4. Elbers A R, Kamps B, Koch G. Performance of gross lesions at postmortem for the detection of outbreaks during the avian influenza A virus (H7N7) epidemic in The Netherlands in 2003. *Avian Pathol.* 2004; 33: 418-422.
5. Nakatani H, Nakamura K, Yamamoto Y, Yamada M, Yamamoto Y. Epidemiology, pathology, and immunohistochemistry of layer hens naturally affected with H5N1 highly pathogenic avian influenza in Japan. *Avian Dis.* 2005; 49: 436-441.
6. Elbers A R, Koch G, Bouma A. Performance of clinical signs in poultry for the detection of outbreaks during the avian influenza A (H7N7) epidemic in The Netherlands in 2003. *Avian Pathol.* 2005; 34: 181-187.
7. Krauss S, Walker D, Pryor S P, Niles L, Chenghong L, Hinshaw V S, Webster R G. Influenza A viruses of migrating wild aquatic birds in North America. *Vector.Borne.Zoonotic.Dis.* 2004; 4: 177-189.
8. Hulse-Post D J, Sturm-Ramirez K M, Humberd J, Seiler P, Govorkova E A, Krauss S, Scholtissek C, Puthavathana P, Buranathai C, Nguyen T D, Long H T, Naipospos T S, Chen H, Ellis T M, Guan Y, Peiris J S, Webster R G. Role of domestic ducks in the propagation and biological evolution of highly pathogenic H5N1 influenza viruses in Asia. *Proc.Natl.Acad.Sci.U.S.A* 2005; 102: 10682-10687.
9. Alexander D J. A review of avian influenza in different bird species. *Vet.Microbiol.* 2000; 74: 3-13.
10. de Wit J J, Koch G, Fabri T H, Elbers A R. A cross-sectional serological survey of the Dutch commercial poultry population for the presence of low pathogenic avian influenza virus infections. *Avian Pathol.* 2004; 33: 565-570.
11. Gilbert M, Chaitaweesub P, Parakamawongsa T, Premashthira S, Tiensin T, Kalvidh W, Wagner H, Slingenbergh J. Free-grazing Ducks and Highly Pathogenic Avian Influenza, Thailand. *Emerg.Infect.Dis.* 2006; 12.
12. Mannelli A, Ferre N, Marangon S. Analysis of the 1999-2000 highly pathogenic avian influenza (H7N1) epidemic in the main poultry-production area in northern Italy. *Prev.Vet.Med.* 2005.
13. Henzler D J, Kradel D C, Davison S, Ziegler A F, Singletary D, DeBok P, Castro A E, Lu H, Eckroade R, Swayne D, Lagoda W, Schmucker B, Nesselrodt A. Epidemiology, production losses, and control measures associated with an outbreak of avian influenza subtype H7N2 in Pennsylvania (1996-98). *Avian Dis.* 2003; 47: 1022-1036.
14. Swayne D E, Halvorsen D A. Influenza. In: *Diseases of poultry* 11 edition (eds. Saif Y. M., Barnes H. J, Glisson J. R., Fadley A. M., McDougald L. R., Swayne D. E.). Iowa State Press: Ames, Iowa, 2003; 135-160.

15. Thomas M E, Bouma A, Ekker H M, Fonken A J, Stegeman J A, Nielen M. Risk factors for the introduction of high pathogenicity Avian Influenza virus into poultry farms during the epidemic in the Netherlands in 2003. *Prev. Vet. Med.* 2005; 69: 1-11.
16. Stallknecht D E, Shane S M, Kearney M T, Zwank P J. Persistence of avian influenza viruses in water. *Avian Dis.* 1990; 34: 406-411.
17. Fitchner G J. The Pennsylvania/Virginia experience in eradication of avian influenza H5N2. In: *Proceedings of the Second International Symposium on Avian Influenza* (ed. U.S. Animal Health Association). University of Wisconsin: 1987; 33-38.
18. Stallknecht D E, Kearney M T, Shane S M, Zwank P J. Effects of pH, temperature, and salinity on persistence of avian influenza viruses in water. *Avian Dis.* 1990; 34: 412-418.
19. Mahnel H. [Variations in resistance of viruses from different groups to chemico-physical decontamination methods]. *Infection* 1979; 7: 240-246.
20. Vitenskapskomiteen for mattrygghet. Risikovurdering - introduksjon av høypatogent aviært influensavirus til Norge. *Rapport* 2006; 1-34.
21. Liu J, Xiao H, Lei F, Zhu Q, Qin K, Zhang X W, Zhang X L, Zhao D, Wang G, Feng Y, Ma J, Liu W, Wang J, Gao G F. Highly pathogenic H5N1 influenza virus infection in migratory birds. *Science* 2005; 309: 1206.
22. Li K S, Guan Y, Wang J, Smith G J, Xu K M, Duan L, Rahardjo A P, Puthavathana P, Buranathai C, Nguyen T D, Estoepangestie A T, Chaisingh A, Auewarakul P, Long H T, Hanh N T, Webby R J, Poon L L, Chen H, Shortridge K F, Yuen K Y, Webster R G, Peiris J S. Genesis of a highly pathogenic and potentially pandemic H5N1 influenza virus in eastern Asia. *Nature* 2004; 430: 209-213.
23. Van Borm S, Thomas I, Hanquet G, Lambrecht B, Boschmans M, Dupont G, Decaestecker M, Snacken R, van den B T. Highly pathogenic H5N1 influenza virus in smuggled Thai eagles, Belgium. *Emerg. Infect. Dis.* 2005; 11: 702-705.
24. Kwon Y K, Joh S J, Kim M C, Lee Y J, Choi J G, Lee E K, Wee S H, Sung H W, Kwon J H, Kang M I, Kim J H. Highly Pathogenic Avian Influenza in Magpies (*Pica pica sericea*) in South Korea. *Journal of Wildlife Diseases* 2005; 41: 618-623.
25. Mase M, Tsukamoto K, Imada T, Imai K, Tanimura N, Nakamura K, Yamamoto Y, Hitomi T, Kira T, Nakai T, Kiso M, Horimoto T, Kawaoka Y, Yamaguchi S. Characterization of H5N1 influenza A viruses isolated during the 2003-2004 influenza outbreaks in Japan. *Virology* 2005; 332: 167-176.
26. Perkins L E, Swayne D E. Comparative susceptibility of selected avian and mammalian species to a Hong Kong-origin H5N1 high-pathogenicity avian influenza virus. *Avian Dis.* 2003; 47: 956-967.

Vedlegg 1

Arter som har fått påvist naturlig infeksjon med HPAI-H5N1 siden 2002

Orden	Norsk navn	Latin	Engelsk	Hvor	Når	Kilde		vill/zoo/ eksp.
Pelikanfugler (<i>Pelicaniformes</i>)	Storskarv	<i>Phalacrocorax carbo</i>	Great Cormorants	Qinghai, Kina	0505	www.fao.org		V
	Orientaldivergskarv	<i>Phalacrocorax niger</i>	Little Cormorant	Thailand	1204	www.promed.org ProMED 20041214.3303		V
Storkefugler (<i>Ciconiiformes</i>)	Gråhegre	<i>Ardea cinera</i>	Grey Heron	Hong Kong	1202	[2]		V
	Herodiashegre	<i>Ardea herodias</i>	Great Blue Heron	Romania		www.promed.org ProMED 20051130.3460		V
	Vinhegre	<i>Ardeola bacchus</i>	Chinese Pond Heron	Hong Kong	0105	OiE Disease Info vol. 18, no.2		
	Silkehegre	<i>Egretta garzetta</i>	Little Egret	Hong Kong	1202	[2]		V
	Asiagapenebb	<i>Anastomus oscitans</i>	Openbilled Stork	Thailand	1204	www.promed.org ProMED 20041214.3303		V
Flamingoer (<i>Phoenicopteriformes</i>)	Flamingo	<i>Phoenicopterus ruber</i>	Greater Flamingo	Hong Kong	1202	[2]		Z
Andefugler (<i>Anseriformes</i>)	Sangsvane	<i>Cygnus cygnus</i>	Whooper Swan	Erkhel, Mongolia	0805	www.oie.int		V
	Knoppsvane	<i>Cygnus olor</i>	Mute Swan	Kroatia, Romania		www.promed.org ProMED 20051130.3460		V
	Svarthalssvane	<i>Cygnus melanocoryphus</i>	Black-Necked Swan	Hong Kong	1202	[2]		Z
	Coscorobasvane	<i>Coscoroba cosoroba</i>	Coscoroba Swan	Hong Kong	1202	[2]		Z
	Tamgås	<i>Anser anser dom.</i>	Domestic Goose	mange steder				D
	Dverggås	<i>Anser erythropus</i>	Lesser White-Fronted Goose	Romania		www.promed.org ProMED 20051130.3460	H5	V
	Stripegås	<i>Anser indicus</i>	Barheaded Goose	Qinhai	0405	[21]		V
	Canadagås	<i>Branta canadensis</i>	Canada Goose	Hong Kong	1202	[2]		Z
Hawaiigås	<i>Nesothen sandvicensis</i>	Hawaiian Goose	Hong Kong	1202	[2]		Z	

Orden	Norsk navn	Latin	Engelsk	Hvor	Når	Kilde		VIII/zoo/ eksp.
Andefugler (<i>Anseriformes</i>) forts.	Rustand	<i>Tadorna ferruginea</i>	Ruddy Shelduck	Qin Hai	0405	www.fao.org		V
	Brudeand	<i>Aix sponsa</i>	Wood Duck	Hong Kong	1202	[2]		Z
	Mankeand	<i>Chenonetta jubata</i>	Manned Wood Duck	Hong Kong	1202	[2]		Z
	Stokkand/tamand	<i>Anas platyrhynchos</i>	Mallard/Domestic Duck	mange steder				V D
	Snadderand	<i>Anas strepera</i>	Gadwall	Novosibirsk, Russland	0705	www.oie.int	?	V
	Hvitkinnand	<i>Anas bahamensis</i>	Bahama Pintail	Hong Kong	1202	[2]		Z
	Prikkskjeand	<i>Anas platalea</i>	Argentine Shoveller**	Hong Kong	1202	[2]		Z
	Sørblesand	<i>Anas sibilatrix</i>	Chiloe Wigeon	Hong Kong	1202	[2]		Z
	Krikkand	<i>Anas crecca</i>	Teal	Kina	?	[22]		V
Sølvand	<i>Anas versicolor</i>	Puna Teal**	Hong Kong	1202	[2]		Z	
	Kastanjeand	<i>Anas castanea</i>	Chestnut-Breasted Teal	Hong Kong	1202	[2]		Z
	Prydand	<i>Callonetta leucophrys</i>	Ringed Teal	Hong Kong	1202	[2]		Z
	Brasiland	<i>Amazonetta braziliensis</i>	Brazilian Teal	Hong Kong	1202	[2]		Z
	Peposacaand	<i>Netta peposaca</i>	Rosy-Billed Pochard	Hong Kong	1202	[2]		Z
	Rødhodeand	<i>Netta rufina</i>	Red-Crested Pochard	Hong Kong	1202	[2]		Z
	Maskeplystreand	<i>Dendrocygna viduata</i>	White-Faced Whistling Duck	Hong Kong	1202	[2]		Z
	Taffeland	<i>Aythya ferina</i>	Common Pochard	Novosibirsk, Russland	0705	www.oie.int	?	V
	Knoppand = Moskusand	<i>Cairina moschata</i>	Muscovy Duck	Russland	0805	www.mattilsynet.no		D

Orden	Norsk navn	Latin	Engelsk	Hvor	Når	Kilde		viii/zoo/ eksp.
Haukliknende dagrovfugler (<i>Acciptriformes</i>)	Fjellskogørn	<i>Spizaetus nipalensis</i>	Crested Hawk-Eagle	Belgia	1004	[23]		Z
Falkefugler (<i>Falconiformes</i>)	Vandrefalk	<i>Falco peregrinus</i>	Peregrine Falcon	Hong Kong	0303	[22]		V
	Tartarfalk	<i>Falco cherrug</i>	Saker	Saudi-Arabia	0106	www.promed.org ProMED 20060130.0299		Z
Hønefugler (<i>Galliformes</i>)	Høns	<i>Gallus domesticus</i>	Domestic Hen	mange steder				D
	Kalkun	<i>Meleagris gallopavo</i>	Turkey	Russland, Tyrkia				D
	Vaktel	<i>Coturnix coturnix</i>	Quail	Hong Kong	?	[22]	?	D
	Hjelmeperlehøne	<i>Numida meleagris</i>	(Pearl?) Guineafowl	Romania	1205	brev fra rumenske mynd.		D
Traner og rikser (<i>Gruiformes</i>)	Sivhøne	<i>Gallinula chloropus</i>	Common Moorhen	Romania		www.promed.org ProMED 20051130.3460	H5	V
	Sothøne	<i>Fulica atra</i>	Coot	Novosibirsk, Russland	0805	www.oie.int	?	V
	Jernrikse	<i>Amaurornis akool</i>	Brown Crake	Anhui, Kina	0106	http://english.peopledaily.com.cn		V
Vadere, joer, måker, terner og alkefugler (<i>Charadriiformes</i>)	Skogsnipe	<i>Tringa ochropus</i>	Green Sandpiper	Novosibirsk, Russland	0805	www.oie.int	?	V
	Steppemåke	<i>Larus ichtyaetus</i>	Pallas' Gull	Qinhai	0405	[21]		V
	Asiahettemåke	<i>Larus brunnicephalus</i>	Brown-Headed Gull	Qinhai	0405	[21]		V
	Hettemåke	<i>Larus ridibundus</i>	Black-Headed Gull	Hong Kong	0103	[2]		V
Duer (<i>Columbiformes</i>)	Gråhodedue	<i>Streptopelia tranquebarica</i>	Red-Collared Dove	Thailand	1204	www.promed.org ProMED 20041214.3303		V
	Duer (ikke spes.)		pigeons	Russland, Thailand, Tyrkia		www.oie.int , www.fao.org	?	?
	Bydue	<i>Columbo livia</i>	Feral Pigeon	Hong Kong	1202	[22]		V

Orden	Norsk navn	Latin	Engelsk	Hvor	Når	Kilde		viii/zoo/ eksp.
Spurvefugler (<i>Passeriformes</i>)	Muskatfink	<i>Lonchura punctulata</i>	Scaly-Breasted Munia = Nutmeg Mannikin	Thailand	1204	www.promed.org ProMED 20041214.3303		V
	Pilfink	<i>Passer montanus</i>	Tree Sparrow	Hong kong	1202	[22]		V
	Beostær	<i>Gracula religiosa</i>	Hill Mynah	Taiwan	0905	www.promed.org ProMED 20051021.3075		
	Safrantimal	<i>Leiothrix lutea</i>	Red-Billed Leiothrix	Taiwan	0905	www.promed.org ProMED 20051021.3075		
	... timal(?)	<i>Leiothrix aregentalis</i> ***	(Silver-Eared?) Mesia***	Storbritannia (fra Taiwan)	1005	www.defra.gov.uk		Z
	Orientskjæreskvett ?	<i>Copsychus saularis</i>	Oriental Magpie- Robin	Hong Kong	0106	www.chinapost.com.tw		V
	Kråkekonge = Svartdrongo	<i>Dicrurus macrocerus</i>	Black Drongo	Thailand	1204	www.promed.org ProMED 20041214.3303		V
	Svartnakkepirol	<i>Oriolus chinensis chinensis</i>	Black-Naped Oriole	Taiwan	0905	www.promed.org ProMED 20051021.3075		
	Skjære	<i>Pica pica</i>	Magpie	Korea	0304	[24]		V
	Tykknebbkråke	<i>Corvus macrorhynchos</i>	Jungle Crow = Large-Billed Crow	Japan	1203	[25]		V

* = importert fra Thailand, sannsynligvis føret med infisert fjørfekjøtt

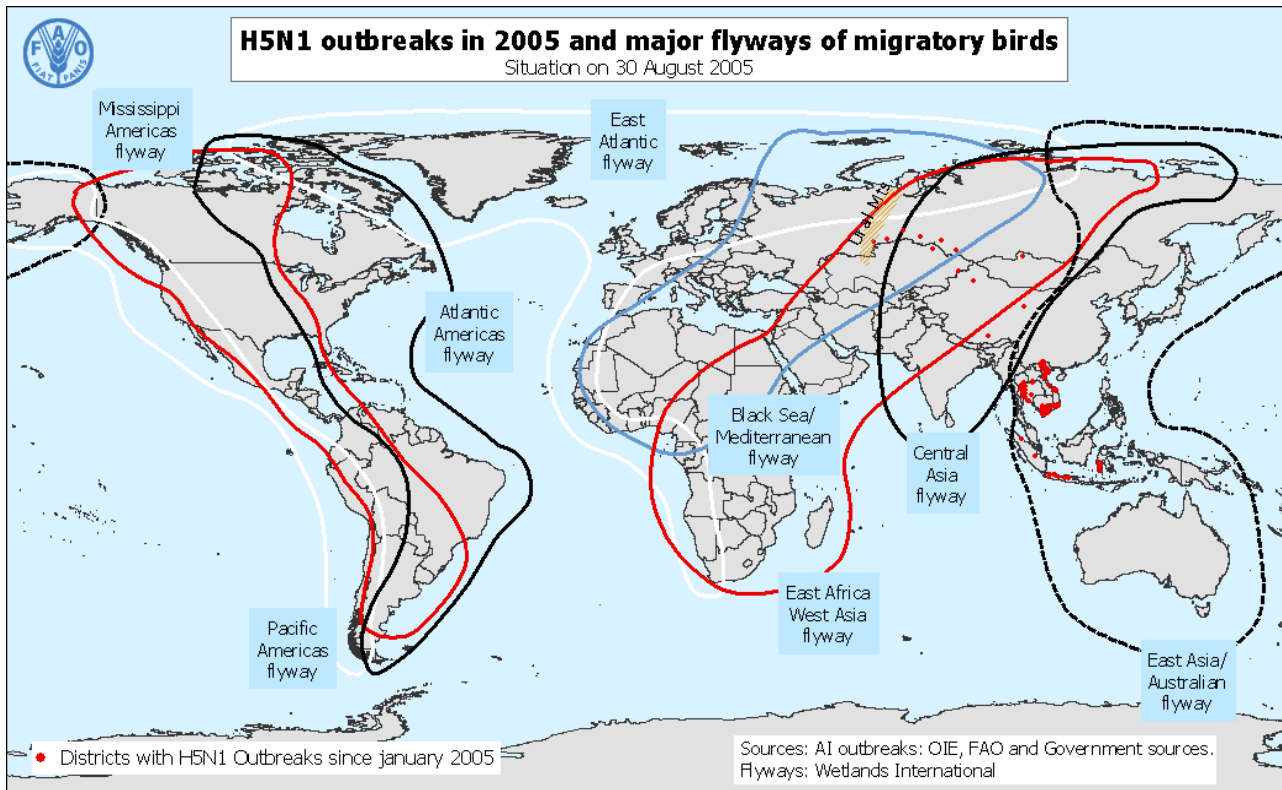
** = Vitenskapelig navn samsvarer ikke med engelsk. Norsk navn satt på grunnlag av vitenskapelig.

*** = den offisielle rapporten oppgir ikke vit. navn, men bare betegnelsen "mesia". Det var denne isolasjonen som opprinnelig ble angitt å stamme fra en blåhodepapegøye (*Pionus menstruus*) fra Surinam. Det viste seg at prøven fra denne var slått sammen med prøve fra en "mesia" fra Taiwan. Flere andre "mesiaer" fra samme flokk var også positive.

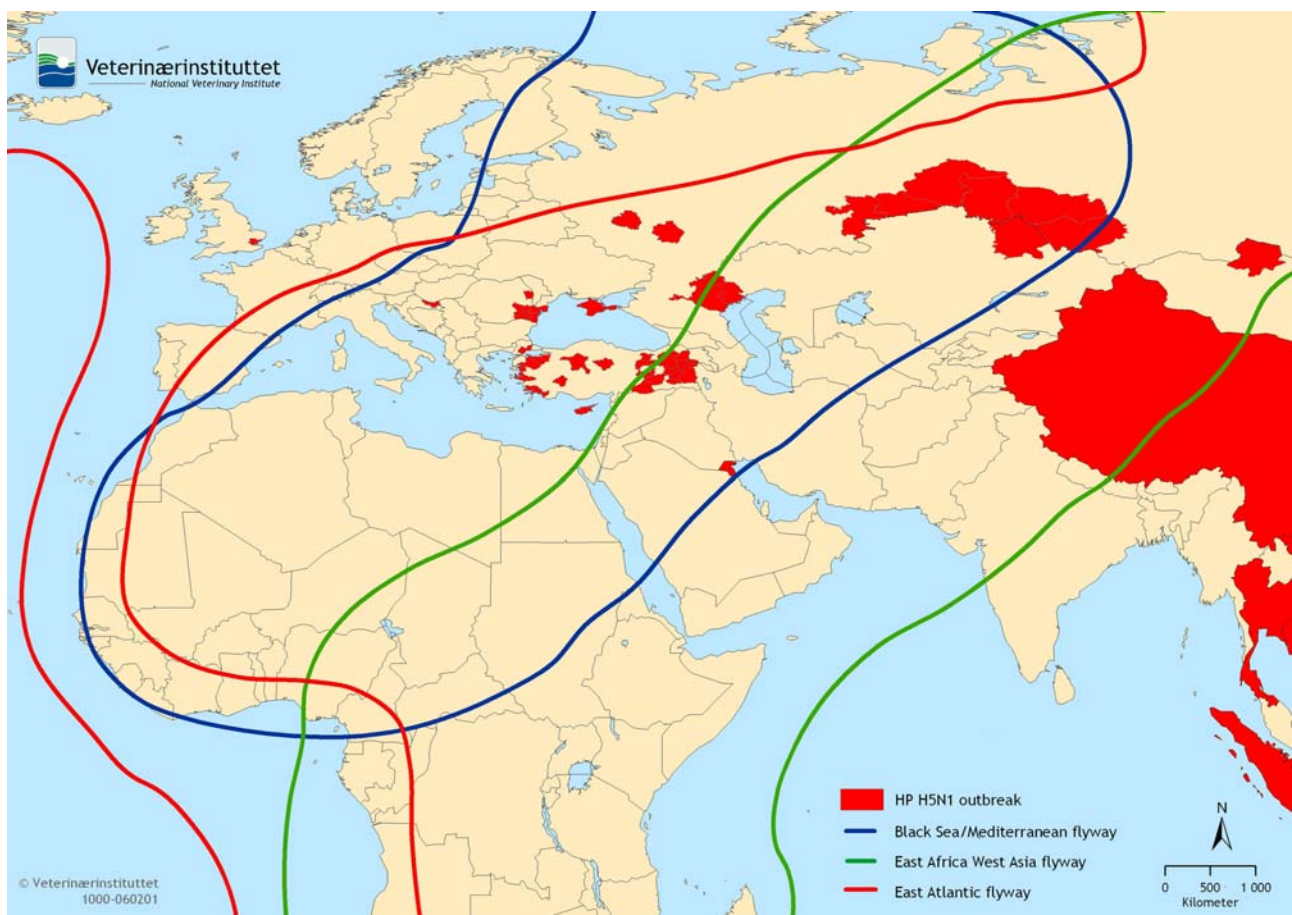
? = patogenitetsstudier er ikke foretatt, ikke verifisert av OIE-godkjent lab.

I tillegg til disse funnene hos villfugl er det framkalt eksperimentell infeksjon med HPAI H5N1 hos enda flere arter, deriblant gråspurv (*Passer domesticus*) og stær (*Sturnus vulgaris*) [26]. I disse studiene har man imidlertid brukt virusstammer fra utbruddet i Hong Kong i 1997. Det finnes også anekdotiske opplysninger om at en ved utbrudd i Kambodsja desember 2003 til april 2004 så at fiskeørn, haukørner, flere arter av ugler og fiskeugler, hegrer, traner og papegøye-fugler døde. Dette er ikke bekreftet på annen måte. Kilde: FAO AIDE rapport nr. 16 200

Vedlegg 2



Kart 1. Hovedtrekkruter for fugl - verdensoversikt



Kart 2. Utbruddsområder for HPAI-H5N1, og hovedtrekkruter for fugl, i Europa og deler av Asia og Afrika.

Vedlegg 4

Datagrunnlag og kartmetoder

Datagrunnlaget for fjørfebesetninger (verpehøns, slaktekylling og kalkun, ender og gjess) til figur 3 er hentet fra register over produksjonstilskudd til fjørfe i 2005. Fjørfebesetningene er videre delt i verpehøns-, slaktekylling- og kalkun, ender og gjess-besetninger. Punktkoordinat-angivelser av produsentene som søkte produksjonstilskudd ble benyttet.

Datagrunnlaget for rasteplasser for ender og svaner er hentet fra Naturdatabasen (driftes av Direktoratet for naturforvaltning). Herfra ble det benyttet punktkoordinater for angivelse av slike rasteplasser. Dataene i denne databasen inneholder opplysninger om sangsvane, stokkand, brunnakke, krikand, toppand, og andefugler uspesifisert. Opplysningene i Naturdatabasen kommer fra arbeidet med kommunale viltkart m.m., og er basert på data fra Fylkesmennene. Statusen for dette arbeidet varierer, slik at noen fylker har god dekning på viltdata, mens andre har dårlig dekning. Naturdatabasen har rimelig god dekning for fugl i de mest fjørfetette regionene på Østlandet, Jæren og Trøndelag. Rasteplasser der det kun var observasjoner av andefugl i perioden høst - vinter ble utelatt fra datagrunnlaget.

For visualisering av tetthet av rasteplasser for ender/svaner og fjørfebesetninger ble kjernetetthet beregnet for kartlag i rasterformat med en søkeradius på 15 km og rutestørrelse 1 km². For å beregne overlapp, og en relativ styrke av overlappet, mellom aktuelle rasteplasser og fjørfebesetninger ble det benyttet raster kalkulator der kjernetettheten for de to kartlagene ble multiplisert med hverandre. Dette gir høye verdier for sammenfallende høye konsentrasjoner av rasteplasser og fjørfebesetninger. Samtidig vil et hvert punkt som er mer enn 15 km unna enten en rasteplass eller en fjørfebesetning ha null overlapp.

Siden verken konsentrasjoner av fugl på rasteplassene eller populasjonsstørrelse i besetninger inngår i tetthetsberegningene, er det den relative styrken av overlapp, og ikke beregnede verdier, som kan være av opplysende interesse.

Til produksjon av kart og beregning av raster kartlag ble programvaren ArcView 9.0 og Spatial Analyst (ESRI, Redlands, CA, USA), og digitale kart fra Statens kartverk benyttet.