

SMITTLÄGET I SVERIGE

FÖR DJURSJUKDOMAR OCH ZONOSER 2023

*Kapitelutdrag:
Fågelinfluensa*

SMITTLÄGET I SVERIGE FÖR DJURSJUKDOMAR OCH ZONOSER 2023

ISSN 1654-7098

SVA:s rapportserie 104

SVAESS2024.0001.sv.v20240703

Redaktör: Karl Ståhl

Avdelningen för epidemiologi, sjukdomsövervakning och riskvärdering
Statens veterinärmedicinska anstalt (SVA), 751 89 Uppsala

Författare: Märit Andersson, Gustav Averhed, Charlotte Axén, Anna Bonnevie, Ulrika Bratteby Trolte, Erika Chenais, Mariann Dahlquist, Rikard Dryselius, Helena Eriksson, Linda Ernholm, Charlotta Fasth, Malin Grant, Gittan Gröndahl, Sofia Gunnarsson, Gunilla Hallgren, Anette Hansen, Marika Hjertqvist, Mia Holmberg, Cecilia Hultén, Hampus Hällbom, Georgina Isak, Karoline Jakobsson, Tomas Jinnerot, Jerker Jonsson, Madeleine Kais, Ulrika König, Emelie Larsdotter, Neus Latorre-Margalef, Johanna Lindahl, Mats Lindblad, Anna Lundén, Anna Nilsson, Oskar Nilsson, Maria Nöremark, Karin Olofsson-Sannö, Anna Omazic, Ylva Persson, Emelie Pettersson, Ivana Rodriguez Ewerlöf, Thomas Rosendal, Tove Samuelsson Hagey, Caroline Schönning, Marie Sjölund, Hedvig Stenberg, Karl Ståhl, Lena Sundqvist, Robert Söderlund, Magnus Thelander, Henrik Uhlhorn, Anders Wallensten, Stefan Widgren, Camilla Wikström, Ulrika Windahl, Beth Young, Nabil Yousef, Siamak Zohari, Erik Ågren, Estelle Ågren

Typsättning: Wiktor Gustafsson

Omslag: Vildsvinskranium hittat i samband med kadaversök i Västmanland under utbrottet av afrikansk svinpest. Foto: Andreas Norin/Pantheon. Formgivning: Rodrigo Ferrada Stoeherl.

Upphovsrätt för kartdata: Eurostat, Statistiska centralbyrån och Lantmäteriet för administrativa och geografiska gränser i kartor.

Riktlinjer för rapportering: Riktlinjer för rapportering introducerades 2018 för de kapitel som berör sjukdomar som enbart drabbar djur. Riktlinjerna bygger på erfarenheter från flera EU-projekt, och har validerats av en grupp internationella experter inom djurhälsoövervakning. Målet är att vidareutveckla dessa riktlinjer i global samverkan, och de har därför gjorts tillgängliga som en wiki på samarbetsplattformen GitHub (<https://github.com/SVA-SE/AHSURED/wiki>). Välkommen att bidra!

Layout: Produktionen av denna rapport sker fortsatt primärt genom en rad verktyg med öppen källkod. Metoden möjliggör att textunderlaget kan redigeras oberoende av mallen för rapportens grafiska utformning, vilken kan modifieras och återanvändas till framtida rapporter. Mer specifikt skrivs kapitel, tabeller och figurtexter i Microsoft Word och konverteras sedan till typsättningspråket LaTeX och vidare till PDF med hjälp av ett eget paket skrivet i det statistiska programmeringsspråket R. Paketet använder dokumentkonverterarmjukvaran pandoc tillsammans med ett filter skrivet i språket lua. De flesta figurer och kartor produceras i R och LaTeX-biblioteket pgfplots. I och med att rapportens huvudspråk från och med i år är svenska har utvecklingen för 2023 års rapport fokuserat på att anpassa hela processen till att fungera med olika språk. Processen för att generera rapporten har utvecklats av Thomas Rosendal, Wiktor Gustafsson och Stefan Widgren.

Tryck: Ljungbergs Tryckeri AB

© 2024 SVA. Den här publikationen är öppet licensierad via CC BY 4.0. Du får fritt använda materialet med hänvisning till källan om inte annat anges. Användning av foton och annat material som ej ägs av SVA kräver tillstånd direkt från upphovsrättsinnehavaren. Läs mer på <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>.

Förslag till citering: Smittläget i Sverige för djursjukdomar och zoonoser 2023, Statens veterinärmedicinska anstalt (SVA), Uppsala. SVA:s rapportserie 104. ISSN 1654-7098

Denna rapport kan komma att uppdateras eller korrigeras efter tryck. Den senaste versionen finns alltid tillgänglig på www.sva.se.

Fågelinfluensa



Figur 20: Under 2023 observerades massdöd i fågelinfluensa hos olika kolonier av måsfåglar, bland annat skratmåsar. Foto: SVA.

BAKGRUND

Fågelinfluensavirus (AIV) avser influensa A-virus som cirkulerar naturligt bland vilda vattenlevande fåglar över hela världen, som kan infektera tamfjäderfä och andra fågelarter och som sporadiskt har påträffats hos andra djurarter, inklusive marina däggdjur, husdjur och människor. Virusets arvs massa består av åtta RNA segment med en markant förmåga att förändras över tid. Nya stammar uppstår genom ackumulering av punktmutationer (antigendrift), och om två eller fler influensavirus samtidigt förökar sig i samma cell kan genutbyte ske mellan virusen som leder till att virus med ny kombination av gensegment och nya egenskaper uppstår (antigenskifte). Influensa A-virus klassificeras i olika subtyper baserat på ytglykoproteinerna: hemagglutinin (H) och neuraminidas (N). För närvarande finns det 18 hemagglutinin (H1-H18) och elva kända neuraminidassubtyper (N1-N11). Med undantag för subtyperna H17N10 och H18N11, som endast har hittats hos fladdermöss, är alla andra möjliga kombinationer kända för att cirkulera bland vilda fåglar: vadare och sjöfågel så som simänder, måsar och tärnor.

Fågelinfluensa är mycket smittsam hos fjäderfä och sprids både direkt och indirekt. Vilda vattenfåglar är reservoarer för lågpatogena aviära influensavirus (LPAIV), inklusive subtyperna H5 och H7, som vid överföring och

ytterligare anpassning till fjäderfä kan mutera och bli högpatogena (HPAIV).

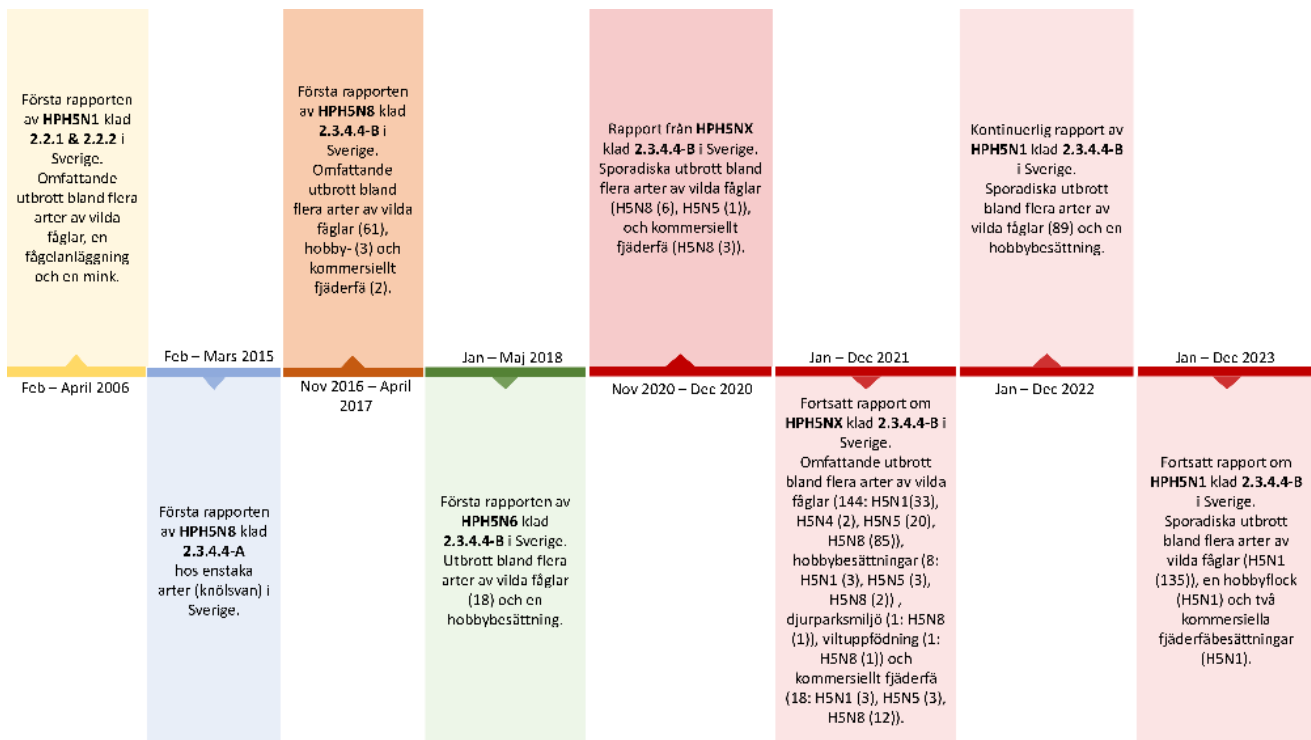
Upptäckten av HPAIV H5N1 i Hongkong 1997, med förmågan att orsaka sjukdom hos människor, belyste det potentiella hot som AI utgör mot djurs och människors hälsa. Sedan dess har omfattande utbrott orsakade av HPAIV av Goose/Guangdong/96 (Gs/Gd) inträffat upprepade gånger i olika regioner i Asien, Afrika, Nord och Sydamerika och Europa.

Historiskt har det varit fyra oberoende introduktioner av HPAIV som orsakat utbrott hos vilda fåglar och eller fjäderfä i olika omfattning i Sverige: 2006, 2015, 2016–2017 och 2020–2023 (figur 21).

Introduktionen av HPAI med den smittspridning som sedan skedde mellan 2020–2023 orsakade den största epidemin av en fjäderfäsjukdom som någonsin registrerats i Sverige, där mer än två miljoner fåglar drabbades på grund av själva sjukdomen eller avlivades för att förhindra ytterligare smittspridning. Epidemin började i november 2020 och har sedan fortsatt utan någon egentlig paus med utbrott bland vilda fåglar och fjäderfä.

Djur

Dödligheten hos fåglar som är infekterade med HPAIV kan vara så hög som 100 %, men detta beror på vilken



Figur 21: Tidslinje över HPAI-utbrott i Sverige 2006–2023. Illustration: Siamak Zohari.

art som drabbats, förekomst av eventuella andra samtidiga infektioner med andra patogener, virusets virulens och andra faktorer. I allmänhet drabbas hönsfåglar, inklusive kalkoner och tamhöns, av en allvarligare sjukdom än andfåglar som ankor och gäss, som ibland endast uppvisar lindriga eller inga kliniska symtom. LPAIV-infektioner orsakar oftast asymtomatiska infektioner eller mild luftvägssjukdom. HPAIV-infektioner orsakar varierande kliniska symtom som cyanos, andnöd, diarré, neurologiska sjukdomstecken, depression, minskat mat- och vattenintag och minskad äggproduktion med förändrad äggkvalitet. Det är dock inte ovanligt att det enda kliniska tecknet är plötslig död hos ett stort antal fåglar. Även om AIV till en början är begränsat till vilda och tama fågelarter, kan smittspridning till däggdjur, inklusive människor, förekomma. Flera färskrapporter beskriver upptäckter av HPAI H5N1 hos vilda land- och vattenlevande/marina däggdjur, vilket orsakar sjuklighet och dödlighet.

Människor

De rapporterade symtomen på AIV-infektioner hos människa har varierat från lindriga till svåra och har inkluderat konjunktivit, influensaliknande sjukdom (t.ex. feber, hosta, halsont, muskelvärk) som ibland åtföljs av illamående, buksmärtor, diarré och kräkningar, allvarlig luftvägssjukdom (t.ex. andfäddhet, andningssvårigheter, lunginflammation, akut andnöd, viral lunginflammation, andningssvikt), neurologiska förändringar (förändrad mental status, krampanfall) och inblandning av andra organsystem.

Sedan 2003 har 880 fall av HPAIV H5N1-infektion hos människa identifierats över hela världen med en dödlighet på 52 %. Majoriteten av fallen av H5N1-infektioner hos människor har förknippats med nära direkt eller indirekt

kontakt med smittade levande eller döda fjäderfän och vilda fåglar. Under 2023 rapporterades 13 fall globalt, varav 6 dödsfall. Vissa EU/EES-länder (Spanien och Storbritannien) genomför aktiv provtagning av personer som jobbar inom fjäderfäindustri på grund av den ökade risken för denna yrkesgrupp. Storbritannien rapporterade 4 fall av H5N1 (klad 2.3.4.4b) i samband med aktiv provtagning av personal som jobbade med sanering av gårdar där H5N1 hade bekräftats. Även i Finland testades många personer sommaren 2023 efter flera utbrott av H5N1 i pälsfarmar men inga fall på människa bekräftades efter testning med PCR eller serologi. Polen rapporterade H5N1 fall hos katter sommaren 2023, inga humana fall kunde associeras hos kattägare. De första AIV-fallen på människa från Sydamerika rapporterades under året, båda orsakade av infektion med HPAIV H5N1, klad 2.3.4.4b. I januari rapporterades ett fall från Ecuador där ett barn smittats efter att ha varit i kontakt med sjuka och döda höns och från Chile rapporterades ett fall associerat med ett omfattande H5N1-utbrott hos vilda fåglar och sjölejon. H5-virus från 2.3.2.1c. fortsätter att cirkulera i Kambodja (6 fall, varav 4 dödsfall) och Kina (1 fall).

Under perioden 2014 - 2023 rapporterades 90 laboratoriebekräftade fall av infektion med HPAIV H5N6 hos människa från Kina (89) och Laos (1), varav 35 med dödlig utgång. I samtliga fall fanns det en känd exponering för sjuka djur eller kontaminerad miljö, och det fanns ingen koppling mellan individer. Under 2023 bekräftades ytterligare 6 fall i Kina.

Under perioden 1998 - 2023 rapporterades 135 laboratoriebekräftade fall av infektion hos människa med LPAIV H9N2, inklusive två fall med dödlig utgång. Fallen rapporterades från Kina (122), Egypten (4), Bangladesh (3), Indien (1), Kambodja (2), Oman (1), Pakistan (1) och Senegal

(1). Samtliga fall som rapporterades under 2023 inträffade i Kina (14). De flesta infektionerna var lindriga och upptäcktes hos barn i åldern 10 år eller yngre med känd exponering för fjäderfä eller kontaminerad miljö.

Ett första fall av infektion med AIV H10N5 hos människa rapporterades från Kina under 2023. Patienten som avled hade en samtida infektion med influensa A(H3N2) och led dessutom av kronisk sjukdom. Ett nytt fall av LPAIV H3N8 hos människa rapporterades från Kina under 2023. Totalt har hittills 3 fall rapporterats sen första fallen 2022 varav ett dödsfall.

Läget för H7N4 och H7N9 i Kina har varit stabilt och de senaste humana fallen var 2018 respektive 2019.

LAGSTIFTNING

Djur

HPAI och infektion med LPAIV är förtecknade sjukdomar (kategori A, D och E för HPAI och D och E för LPAIV) i EU:s djurhälsolag (EU) 2016/429. Dessutom omfattas fågelinfluensa (HPAI av alla subtyper, och LPAI av subtyperna H5 och H7) av epizootilagen (SFS 1999:657 med ändringar) och är anmälningspliktiga vid misstanke. Om fågelinfluensa misstänks eller bekräftas på en gård kommer åtgärder att vidtas för att bekämpa sjukdomen och förhindra ytterligare spridning i enlighet med delegerad förordning (EU) 2020/687 om komplettering av förordning (EU) 2016/429 vad gäller bestämmelser om förebyggande och bekämpning av vissa förtecknade sjukdomar som trädde i kraft den 21 april 2021.

Det svenska övervakningsprogrammet för fågelinfluensa hos fjäderfä och vilda fåglar 2023 baseras på delegerad förordning (EU) 2020/689 om komplettering av förordning (EU) 2016/429 vad gäller bestämmelser om övervakning, utrotningsprogram och sjukdomsfri status för vissa förtecknade och nya sjukdomar.

Människor

Alla laboratoriebekräftade fall av influensa A och B är anmälningspliktiga och HPAIV H5N1 är klassificerad som en allmänfarlig sjukdom enligt smittskyddslagen (SFS 2004:168 med ändringar). Alla infektioner hos människor som orsakas av en ny subtyp av influensa ska omedelbart rapporteras till EWRS, EU:s system för tidig varning och reaktion, vid ECDC, enligt det internationella hälsoreglementet (IHR, 2005). Prover bör delas med WHO:s samarbetscentrum.

ÖVERVAKNING

Sedan 2002 genomförs årligen övervakningsprogram i alla EU:s medlemsländer för att övervaka AIV-situationen hos fjäderfä och vilda fåglar, med fokus på tidig upptäckt/tidig varning av subtyperna H5 och H7 i synnerhet. De molekylära och serologiska testerna för att testa de prover som samlats in inom ramen för övervakningsprogrammen rekommenderades av det europeiska referenslaboratoriet för fågelinfluensa i Padua, Italien (EURL, ISZVE).

Fjäderfä

Övervakningsprogrammet för fjäderfä bygger på både serologisk och virologisk aktiv övervakning utöver den passiva kliniska övervakningen. Syftet med den serologiska övervakningen är främst att upptäcka exponering för LPAIV. Virologisk testning utförs på andfåglar (gräsänder, ankor och gäss) främst för att påvisa HPAIV eftersom dessa arter kanske inte visar tydliga kliniska sjukdomstecken. Tjugo fåglar per flock provtas med svalg- och kloaksvabbar som analyseras med PCR. Den serologiska övervakningen för 2023 omfattade hållna fjädervilt (gräsänder), värphöns, avelsdjur, kalkoner, gäss och änder. Från värphöns, kalkoner, ankor och gäss togs tio blodprover i samband med slakt. Avelsfåglar provtogs i samband med andra kontrollprogram och gräsänder provtogs med 20 blodprov och 20 svabbar på anläggningen. Även ankor och gäss provtogs med svabbar på anläggningen. På anläggningar med färre individer än den ovannämnda urvalsstorleken provtogs alla individer. Utöver övervakningsprogrammet togs prover vid klinisk misstanke. Vid klinisk misstanke om fågelinfluensa eller Newcastlejuka utförs i allmänhet laboratorieanalyser för båda sjukdomarna.

Övervakningsprogrammet för 2023 baserades på delvis riskbaserad och delvis representativ provtagning och laboratorieanalyserna utfördes vid Statens veterinärmedicinska anstalt (SVA). Uppfödarna provtogs sent under produktionsperioden. Proverna analyserades med hjälp av ett ELISA (ID Screen Influenza A antibody competition ELISA kit, Innovative Diagnostics, Grabels, Frankrike). Positiva resultat bekräftades med hemagglutinationsinhibitionstester (för subtyp H5 och H7) i enlighet med EURL-riktlinjerna.

Vilda fåglar

Flyttfåglarnas säsongsbundna migration har varit inblandad i introduktion och spridning av HPAIV:s i Sverige 2006, 2015, 2016, 2018, 2020 och 2021. Vilda flyttfåglar spelar en nyckelroll för smittspridning över långa avstånd och vidare kan ytterligare lokal spridning ske av ett brett spektrum av olika fågelarter.

AI-övervakningen hos vilda fåglar är passiv och baseras på fåglar som hittas sjuka eller döda och rapporteras till SVA:s webbapplikation (rapporteravilt.sva.se). Ett urval av fåglar lämnas in för obduktion och provtagning för AIV. Arter som inte tidigare bekräftats positiva i en viss kommun under de föregående 30 dagarna provtas. Övervakningen av vilda fåglar i Sverige omfattar en bredare artlista jämfört med den lista över målarter för övervakning av fågelinfluensa som publicerats av europeiska myndigheten för livsmedelssäkerhet (Efsa, fågelinfluensaöversikt september–november 2017) och endast små tättingar är undantagna från provtagning. Sårbara och skyddade arter som betraktas som statens vilt är obduceras som regel på SVA och dessa fåglar provtas då också för AIV.

Tabell 11: Antal provtagningstillfällen i olika fjäderfä-kategorier som provtagits i övervakningen av fågelinfluensa 2014–2023.

Kategori	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
Värphöns som hålls inomhus	58	68	62	68	65	73	63	57	50	5
Värphöns med utevistelse	23	23	30	43	49	67	52	47	47	1
Kalkoner	16	18	18	16	16	18	18	14	15	35
Ankor	3	3	4	1	2	3	1	5	0	5
Gäss	9	9	7	5	6	3	1	2	2	5
Slaktkycklingar ^{A, B}	12	22	33	23	33	22	14	3	0	0
Strutsfåglar ^B	3	3	3	2	2	5	3	7	0	0
Avelshöns (föräldrar)	32	31	34	35	30	34	35	28	31	30
Avelskalkoner (föräldrar)	2	3	3	3	3	3	3	3	3	3
Gräsänder ^C	5	6	7	2	5	5	6	10	9	5
Fasaner ^{B, C}	12	13	9	13	12	8	10	8	1	0
Total	175	199	210	211	223	241	206	184	158	89

^ASmåskalig produktion.

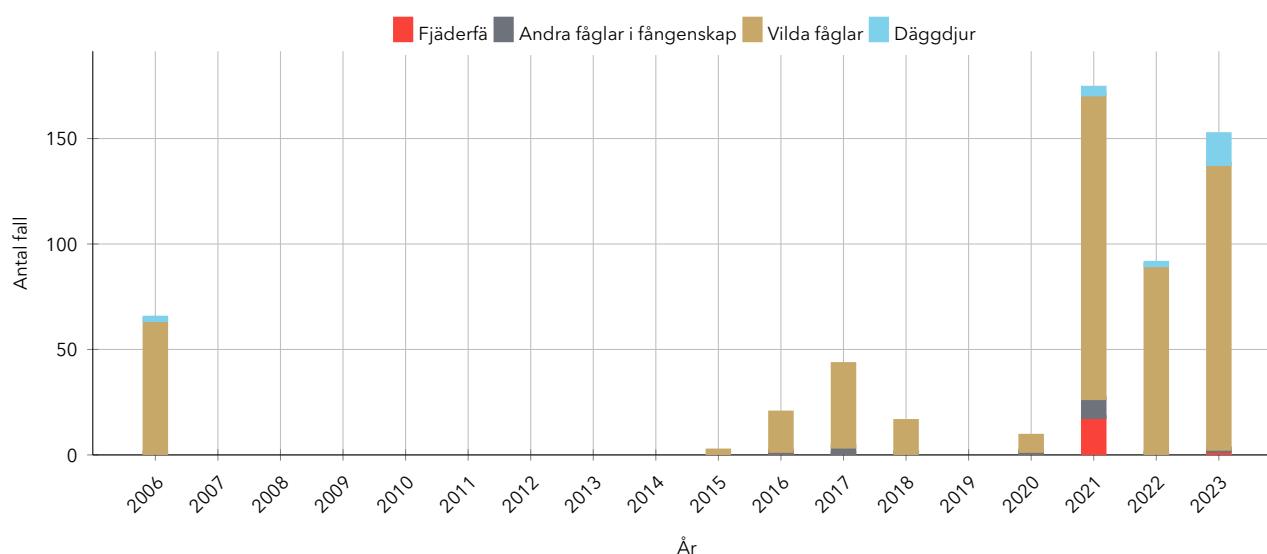
^BUtgår från 2022 och framåt.

^CHägnat fjädervilt

Människor

Prover från patienter med influensaliknande sjukdom och akuta luftvägsinfektioner samlas in inom primärvårdens sentinelnätverk under influensaövervakningssäsongen (322 patienter provtogs under säsongen 2022–2023). Dessa prover analyseras avseende influensa A och B samt SARS-CoV-2. Om influensa A påvisas utförs ytterligare subtypning med rRT-PCR för A(H1)pdm09 och A(H3). Om influensa A-positiva prover inte kan subtypas utförs ytterligare karaktärisering för att utesluta zoonotisk influensa A. Bedömning av känslighet för antivirala läkemedel görs genom screening av genotypiska markörer. Ett urval av proverna inom sentinelövervakningen samt prover från kliniska mikrobiologiska laboratorier genomgår dessutom helgenomsekvensering. Under säsongen 2022–2023 karaktäriserades 285 influensastammar. Folkhälsomyndigheten har också beredskapsdiagnostik vid misstanke om AIV hos människor, där subtypspecifik rRT-PCR för A(H5) och A(H7) utförs. Nuvarande riktlinjer rekommenderar yrkesverksamma personer som

exponeras för virus i samband med utbrott av HPAIV på en fjäderfäanläggning att kontakta sjukvården och testa sig om de utvecklat influensaliknande symtom. EU:s smittskyddsmyndigheten, ECDC, publicerade hösten 2022 ett vägledningsdokument som beskriver åtgärder för att säkerställa tidigt upptäckt av infektioner hos människor med influensavirus av zoonotiskt ursprung. I dokumentet beskrivs de grupper som riskerar att komma i kontakt med fågel- eller svininfluensavirus på grund av yrkesmässig exponering (djurägare, veterinärer, hälso- och sjukvårdspersonal m.fl.) eller annan exponering (jägare, ringmärkare, allmänheten som hanterar sjuka fåglar m.fl.). Arbetsmiljöverket reglerar vilken skyddsutrustning (PPE) som bör användas av yrkesverksamma personer som riskerar exponering av zoonotiska smittämnen i samband med sjukdomsutbrott hos djur och det är arbetsgivarens ansvar att se till att förebyggande åtgärder följs och att förse personalen med tillräcklig skyddsutrustning för att minimera exponeringsrisken.



Figur 22: Antal fall av fågelinfluensa hos fjäderfä, andra fåglar i fångenskap, vilda fåglar samt däggdjur.

RESULTAT

Djur

För en översikt över antal fall av fågelinfluensa hos djur över tid, se figur 22.

Fjäderfä

Under 2023 samlades 943 blodprover in från 89 fjäderfäfloccar från totalt 62 fjäderfäanläggningar och svabbprover samlades in från 180 fåglar på 9 anläggningar. Tabell 11 ger en översikt över antalet fjäderfäfloccar som provtogs från 2014 till 2023.

HPAIV påvisades på tre anläggningar genom passiv övervakning under 2023 (tabell 12). Totalt undersöktes misstänkta fall av fågelinfluensa med hjälp av diagnostisk provtagning på 22 fjäderfäanläggningar under 2023, varav 20 var kliniska misstankar, en var positiva i aktiv serologisk övervakning och en provtogs i samband med smittspårning.

Vilda fåglar

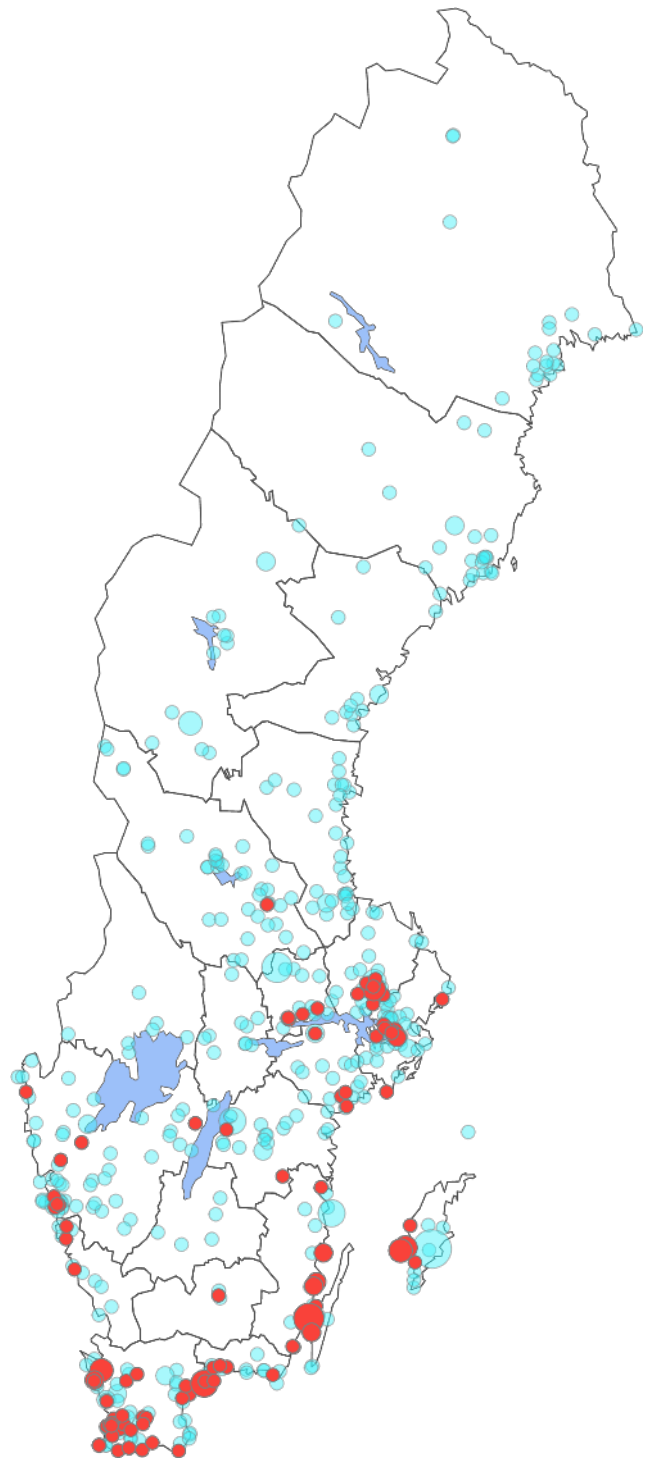
Inom ramen för det passiva övervakningsprogrammet befanns 135 vilda fåglar vara positiva för HPAIV, varav alla var av subtyp H5N1. Totalt provtogs 656 fåglar av 73 olika arter varav 254 var rovfåglar, 272 sjöfåglar- eller vadare, 62 duvor och 48 kråkfåglar. Den geografiska platsen för provtagna och vilda fåglar, inklusive positiva fynd, finns i figur 23. Se tabell 13 för en fullständig lista över positiva fynd hos vilda fåglar.

Däggdjur

Under 2023 konstaterades fågelinfluensa hos 14 rödrävar varav 10 i Stockholms län, 2 i Uppsala län, 1 i Östergötlands län och 1 i Västra Götalands län (se figur 24). Fågelinfluensafallen i Stockholms län konstaterades i samband med massdöd hos skrattnåsar på grund av fågelinfluensa och rävarna antas ha ätit infekterade fåglar.

Människor

Inga fall av zoonotisk fågelinfluensa identifierades bland ett fåtal prover som testades 2023 vid Folkhälsomyndighetens beredskapslaboratorium.



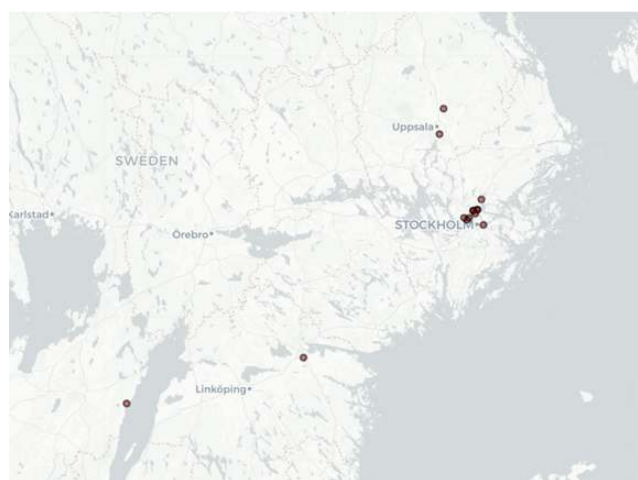
Figur 23: Geografisk plats för de vilda fåglar som analyserades med avseende på fågelinfluensa 2023. Punktstorlekarna skalas efter antalet fåglar som provtogs på en viss plats. Totalt 135 av 655 vilda fåglar som provtogs 2023 var positiva för högpatogeten fågelinfluensa.

Tabell 12: Bekräftad högpatogeten fågelinfluensa hos fjäderfä och andra fåglar i fångenskap under 2023.

Datum för konfirmering	Subtyp	Län	Typ av anläggning	Antal mottagliga djur
2023-01-26	H5N1	Västra Götaland	Hobby	57
2023-03-21	H5N1	Skåne	Föräldradjur för slaktkyckling	23 600
2023-06-27	H5N1	Gotland	Värphöns	1900

Tabell 13: Antal positiva fynd av fågelinfluensa hos vilda fåglar, uppdelat per fågelart.

Fågelart	Antal	Andel positiva av antal provtagna
Skrattmås	49	72 %
Vitkindad gås	21	75 %
Pilgrimsfalk	10	59 %
Gråtrut	7	35 %
Grågås	5	45 %
Berguv	4	31 %
Ormvråk	4	27 %
Sillgrissla	4	25 %
Duvhök	3	14 %
Fiskmås	3	30 %
Sångsvan	3	33 %
Havsörn	2	3 %
Kentsk tärna	2	25 %
Knölsvan	2	10 %
Silltrut	2	40 %
Strandskata	2	67 %
Tordmule	2	50 %
Vit stork	2	40 %
Ejder	1	33 %
Fisktärna	1	25 %
Fjällvråk	1	25 %
Havstrut	1	20 %
Häger	1	50 %
Skata	1	4 %
Skärnsnäppa	1	100 %
Storskarv	1	6 %
Totalt	135	21 %



Figur 24: Geografisk plats för konstaterade fall av fågelinfluensa hos däggdjur 2023. Samtliga fall 2023 var rödrävar.

DISKUSSION

Under den period som omfattas av denna rapport har den globala spridningen av HPAI ökat markant och den har drabbat länder i Asien, Afrika, Europa, Nord- och Central- och Sydamerika. Den globala spridningen av viruset hotar inte bara djurs och människors hälsa och välbefinnande, utan också biodiversiteten när känsliga eller hotade fågel- och däggdjursarter drabbas, och riskerar dessutom påverka den ekonomiska stabiliteten och livsmedelsförsörjningen i drabbade länderna. Den omfattande globala samcirkulationen av HPAIV och LPAIV bland vilda och tama fåglar under den period som omfattas av denna rapport har lett till en exceptionell genetisk variation bland de virus som upptäckts.

Under 2023 rapporterade Sverige 3 utbrott av HPAI H5N1 hos tamfjäderfä och 153 fall av HPAI hos vilda fåglar. Dessa utbrott orsakades alla av HPAIV H5N1-klad 2.3.4.4b-virus av Gs/Gd-linjen. Flera distinkta genotyper från denna klad var inblandade i dessa utbrott. Under sommaren 2023 observerades massdödlighet i olika kolonier av skrattmås, gråtrut, fiskmås, silltrut och havstrut i flera områden runt Stockholm och längs Sveriges södra östkust.

Sedan influensasäsongen 2020–2021 har högpatogeten fågelinfluensa (HPAI) A (H5Nx) av typen 2.3.4.4b resulterat i ett aldrig tidigare skådat antal infektioner hos vilda och tamfåglar över hela världen, med många spridningshändelser till vilda och tama däggdjur.

Under sommaren 2023 rapporterades ett utbrott av fågelinfluensa av typen H5N1 hos djur för pälsproduktion i Finland och bland katter i Polen.

I Sverige diagnostiserades infektion med HPAI H5N1 klad 2.3.4.4b hos 2 rödrävar och en gråsäl 2021, en tumlare under 2022, och en drastisk ökning av fall under senhösten och sommaren 2023 där fall av HPAI konstaterats hos 14 rödrävar. Tio av dessa rävar avlivades med neurologiska tecken inklusive ataxi, desorientering och/eller kramper, 5 hittades döda, och 1 sköts under normal jakt. Av de rävar som diagnostiserades 2023 var 10 temporärt och geografiskt associerade med ett utbrott av HPAI H5N1 bland måsfåglar i Stockholm. Analys av arvsmassan visar att virusen som isolerats från rävarna i samtliga fall var nära besläktade med virus som hittats bland vilda fåglar. Det fortsatta globala hotet från HPAIV understryker ytterligare behovet av medvetenhet och förbättrad biosäkerhet på fjäderfäanläggningar för att förhindra att viruset förs in från vilda fåglar.

Upprepade påvisande av H5 och H9 hos människor kan återspegla infektioner hos fjäderfä, med tanke på att H5- och H9N2-virus är endemiskt förekommande i fjäderfäpopulationer i Asien. Infektioner hos människor infekterade med andra LPAIV, såsom H3N8 och H10N3/H10N5, med nära kontakt med fjäderfä har rapporterats. Det kan också återspegla de ökade testinsatserna för luftvägsinfektioner och diagnostisk kapacitet till följd av covid-19-pandemin. Att bekämpa sjukdomen hos husdjur är det första steget för att minska risken för människor. I EU/EES är risken för överföring av zoonotisk influensa för befolkningen i allmänhet låg, för specifika yrkesgrupper som exponeras för viruset (vid utslaktning) kan risken vara låg till måttlig.

REFERENSER

- CDC. 2023. Human Infection with highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus in Chile. <https://www.cdc.gov/flu/avianflu/spotlights/2022-2023/chile-first-case-h5n1-addendum.htm>.
- Domańska-Blicharz Katarzyna, Świętoń Edyta, Świątalska Agnieszka, Monne Isabella, Fusaro Alice, Tarasiuk Karolina, Wyrostek Krzysztof, Styś-Fijoł Natalia, Giza Aleksandra, Pietruk Marta, Zecchin Bianca, Pastori Ambra, Adaszek Łukasz, Pomorska-Mól Małgorzata, Tomczyk Grzegorz, Terregino Calogero, Winiarczyk Stanisław. Outbreak of highly pathogenic avian influenza A(H5N1) clade 2.3.4.4b virus in cats, Poland, June to July 2023. *Euro Surveill.* 2023;28(31):pii=2300366. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.31.2300366>.
- ECDC Avian influenza overview September – December 2021
- EFSA (European Food Safety Authority), ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control), EURL (European Reference Laboratory on Avian Influenza), Brown I, Kuiken T, Mulatti P, Smietanka K, Staubach C, Stroud D, Therkildsen OR, Willeberg P, Baldinelli F, Verdonck F and Adlhoch C, 2017. Scientific report: Avian influenza overview September - November 2017. *EFSA Journal* 2017;15(12):5141, 70 pp. doi:10.2903/j.efsa.2017.5141.
- European Centre for Disease Prevention and Control. Testing and detection of zoonotic influenza virus infections in humans in the EU/EEA, and occupational safety and health measures for those exposed at work. Stockholm: ECDC; 2022. doi: 10.2900/852604 <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/zoonotic-influenza-virus-infections-humans-testing-and-detection>.
- European Commission. ADIS – Animal disease information system.
- Grant M, Bröjer C, Zohari S, Nöremark M, Uhlhorn H, Jansson DS. Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI H5Nx, Clade 2.3.4.4.b) in Poultry and Wild Birds in Sweden: Synopsis of the 2020–2021 Season. *Veterinary Sciences.* 2022; 9(7):344. <https://doi.org/10.3390/vetsci9070344>.
- Lindh Erika, Lounela Hanna, Ikonen Niina et al. Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus infection on multiple fur farms in the South and Central Ostrobothnia regions of Finland, July 2023. *Euro Surveill.* 2023;28(31):pii=2300400. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.31.2300400>
- ProMed: PRO/AH/EDR> Avian influenza, human (09): China (JS) H10N3, 1st rep; Archive Number: 20210602.8416833. <https://promedmail.org/promed-post/?id=20210602.8416833>.
- Thorsson E, Zohari S, Roos A, Banihashem F, Bröjer C, Neimanis A. Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Virus in a Harbor Porpoise, Sweden. *Emerg Infect Dis.* 2023;29(4):852–855. <https://doi.org/10.3201/eid2904.221426>.
- WOAH - WAHIS database.
- WHO. 2015. https://www.who.int/influenza/gisrs_laboratory/h5_nomenclature_clade2344/en/
- WHO. Feb. 2018. https://www.who.int/influenza/vaccines/virus/201802_zoonotic_vaccinevirusupdate.pdf?ua=1.
- WHO. 2023. Assessment of risk associated with recent influenza A(H5N1) clade 2.3.4.4b viruses. [https://www.who.int/publications/m/item/assessment-of-risk-associated-with-recent-influenza-a\(h5n1\)-clade-2.3.4.4b-viruses](https://www.who.int/publications/m/item/assessment-of-risk-associated-with-recent-influenza-a(h5n1)-clade-2.3.4.4b-viruses).
- WHO 2022. Avian Influenza Weekly Update Number 835 March 2022.
- WHO. 2024. Disease Outbreak News A(H10N5) and A(H3N2) coinfection. <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON504>