

RAPPORT

2025

Oppdatert folkehelse relatert
risikovurdering av
smittesituasjonen med
høypatogen fugleinfluensa (HPAIV
H5) med fokus på situasjonen i
Nord-Amerika og i Norge

Rapport

Oppdatert folkehelse relatert
risikovurdering av smittesituasjonen med
høypatogen fugleinfluenza (HPAIV H5)
med fokus på situasjonen i Nord-Amerika
og i Norge

Forord

Risikovurderingen bygger videre på to tidligere vurderinger av høypatogen fugleinfluensasmitte (HPAI) A(H5Nx) klade 2.3.4.4b:

[Risiko ved høypatogen fugleinfluenza \(H5N1\) hos melkekyr i USA 2024](#) (juni 2024)

[Vurdering av risiko for smitte til mennesker med høypatogen fugleinfluenza A \(H5Nx\) 2.3.4.4b i Norge](#) (juni 2023)

Hensikten med oppdateringen er å beskrive de viktigste utviklingstrekkene i smittesituasjonen siden de tidligere risikovurderingene, med særlig fokus på risikofaktorer som kan ha betydning for folkehelsen og en eventuell pandemisk utvikling. Risikovurderingen vil bli oppdatert ved vesentlige endringer i situasjonen.

Folkehelseinstituttet ønsker å takke kolleger i Mattilsynet, Helsedirektoratet og Veterinærinstituttet for innspill i denne vurderingen som del av vårt tverrfaglige samarbeid om fugleinfluenza.

1	Oppsummering av risikovurdering.....	4
1.1	Hovedpunkter i risikovurderingen	4
1.2	Oppsummerende hovedpunkter fra tidligere risikovurderinger	6
2	Epidemiologisk situasjon og viktige utviklingstrekk.....	7
2.1	Global utvikling av høypatogen fugleinfluensa.....	7
2.2	Utviklingen på dyresiden i Norge.....	9
2.3	Virusegenskaper: evolusjon og ny kunnskap.....	10
3	Folkehelseimplikasjoner og endringer i risikovurdering.....	12
4	Aktuelle tiltak og videre arbeid.....	22
4.1	Overvåking på humansiden	22
4.2	Overvåkning på dyresiden	22
4.3	Beredskapsarbeid.....	23
4.4	Èn-helse samarbeid.....	23
4.5	Rådgivning.....	24
5	Referanser.....	25

1 Oppsummering av risikovurdering

1.1 Hovedpunkter i risikovurderingen

Nord-Amerika

Siden risikovurderingen i juni 2024 har utbruddene epizootiene blant villfugl, fjørfe og pattedyr i Nord-Amerika blitt mer utbredt, og er ikke under kontroll. Det foregår to parallelle utbrudd av A(H5N1), klade 2.3.4.4b, forårsaket av ulike genotyper.

Antall smittede mennesker i USA har økt betraktelig det siste halvåret, og det er til nå meldt om 67 sporadiske tilfeller. De fleste har hatt milde symptomer, med unntak av ett tilfelle med alvorlig sykdom og ett dødsfall. Det er fortsatt ingen tegn til smitte mellom mennesker.

Folkehelseinstituttets risikovurdering er siden juni 2024 **endret** ved to sentrale spørsmål (se også tabell 1):

- Risikoen for at viruset utvikler evne til å smitte effektivt til og mellom mennesker vurderes som **økt**, men ansees fortsatt som **liten**. Viruset har vist en viss tilpasningsevne til menneskelig vert, men er fortsatt best tilpasset fugl.
- Utsiktene til at situasjonen i Nord-Amerika snarlig bringes under kontroll er svært begrensede og **verre** enn først vurdert i juni 2024. Det er heftet usikkerhet til hvordan tiltak iverksatt av den nye administrasjonen i USA vil påvirke håndteringen av smittesituasjonen. Det er usikkert om hvordan USA nå vil dele viktig informasjon og delta i sentrale internasjonale samarbeidsstrukturer.

Norge

Etter risikovurderingen fra juni 2023 har det vært noen større utbrudd blant villfugl i Norge, og skiftende virus subtyper og genotyper, med A(H5N5) som den dominerende subtypen blant villfugl nå. Det har vært et fåtall utbrudd hos fjørfe som har kommet raskt under kontroll, samt flere sporadiske tilfeller hos kjøttetende pattedyr. Det har ikke vært smitte til mennesker i Norge.

Risikovurderingen for smitte til mennesker i Norge er i all hovedsak **uendret** siden juni 2023. Risikoen vurderes fortsatt som **svært liten** for den generelle befolkningen og **liten** for personer som er i kontakt med smittede dyr. Risikoen kan reduseres til svært liten ved bruk av personlig beskyttelsesutstyr.

Beredskap

Norge har styrket samarbeidet mellom ulike sektorer som jobber med dyre- og humanhelse som følge av utviklingen i Nord-Amerika og påvisninger av HPAI blant dyr i Norge. Det arbeides kontinuerlig med å styrke beredskapen på feltet i Norge.

Tabell 1. Oversikt over tidligere (juni 2024) og oppdatert (februar 2025) risikovurdering om HPAI (H5N1)-smitte hos melkekyr i USA per 06. februar 2025. De tre siste spørsmålene (8 a, 8 b og 8 c) er en oppdatert risikovurdering om smitte fra dyr til mennesker i Norge fra juni 2023. Risikospørsmål med endret utfall i risikovurderingen siden juni 2024 er markert med blå farge. Fullstendig tabell er tilgjengelig senere rapporten (tabell 2 i kapittel 3). Hvert risikospørsmål er begrunnet i kapittel 3.

	Risikospørsmål om smittesituasjonen av A(H5N1) i Nord-Amerika	Risiko juni 2024	Risiko februar 2025	Kommentar
1	Hva er risiko for vedvarende pattedyr-pattedyr-smitte?	Stor	Stor	Risikoen vurderes som uendret.
2	Hva er risiko for at viruset har utviklet større evne til å smitte til og mellom pattedyr?	Middels	Middels	Risikoen vurderes som uendret.
3	Hva er risiko for at virus utvikler evne til å smitte effektivt til og mellom mennesker?	Liten, men økende	Liten, men økende siden juni 2024	Risikoen vurderes som økende på bakgrunn av en økt sannsynlighet ved vedvarende smitte hos pattedyr og tilpasningsegenskaper ved viruset.
4	Hva er utsiktene til at situasjonen ikke snarlig bringes under kontroll?	Middels til stor	Stor	Risikoen er endret til stor fordi omfanget av smitte har vokst, situasjonen er ikke under kontroll og det har ikke vært satt inn tilstrekkelig tiltak til å stoppe smitten.
5	Hva er risiko for at den nåværende situasjonen i USA fører til smittede mennesker i Norge eller norske reisende?	Liten	Liten	Risikoen vurderes som uendret.
6	Hva er risikoen for at utbruddsviruset ikke dekkes godt nok av tilgjengelige vaksiner?	Liten	Liten	Risikoen vurderes som uendret.
7	Er virus resistent mot tilgjengelige legemidler?	Liten	Liten	Risikoen vurderes som uendret.
	Risikospørsmål om smitte fra dyr til mennesker i Norge	Risiko juni 2023	Risiko februar 2025	Kommentar
8a	Risiko for infeksjon med A(H5Nx) i den generelle befolkningen	Svært lav	Svært liten	Risikoen vurderes som uendret.
8b	Risiko for infeksjon med A(H5Nx) for personer i nær kontakt med smittede tamme fugler	Lav*	Liten*	Risikoen vurderes som uendret.

8c	Risiko for infeksjon med A(H5Nx) for personer i nær kontakt med smittet villfugl/vilt	Lav*	Liten*	Risikoen vurderes som uendret.
----	---	------	--------	--------------------------------

*Kan reduseres til svært liten ved riktig bruk av personlig beskyttelsesutstyr etter særskilt smittevernfaglig risikovurdering

1.2 Oppsummerende hovedpunkter fra tidligere risikovurderinger

[6.juni 2023: Risikovurdering av høypatogen fugleinfluensa A \(H5Nx\) 2.3.4.4b i Norge](#)

Risiko nasjonalt:

- Svært lav risiko for smitte med influensa A(H5Nx) 2.3.4.4b fra fugler til mennesker.
- Lav risiko for personer i kontakt med smittede tamme fugler eller et stort antall syke og døde villfugl uten bruk av beskyttelsesutstyr.
- Ingen påvisninger av smitte hos mennesker.

Risiko globalt:

- Svært lavt antall sporadiske tilfeller av smitte til mennesker, til tross for tiltagende smitte blant fugler og andre dyr.
- Ingen kjent smitte mellom mennesker.
- Mennesker smittet i Europa rapporterte om at de hadde hatt milde symptomer.

[21.juni 2024: Risiko ved høypatogen fugleinfluensa \(H5N1\) hos melkekyr i USA 2024: Folkehelsevurderinger i et én-helse-perspektiv](#)

- Omfattende utbrudd med vedvarende smitte mellom melkekyr, og spredning til andre dyr og besetninger i flere delstater.
- Første dokumenterte tilfeller av smitte med HPAI H5-virus fra pattedyr til menneske (tre tilfeller), men ingen tegn til at det hadde foregått smitte mellom mennesker. Svært begrenset antall smittede og kun milde sykdomsforløp.
- Utbruddsviruset hadde ikke utviklet seg vesentlig i retning av å kunne smitte effektivt til og mellom mennesker.
- Økt årvåkenhet og bekymring rundt at det var oppstått en stor og vedvarende arena der viruset var kunne utvikle økt smitteevne hos pattedyr, og dermed kanskje også hos mennesker.
- Det ble vurdert at situasjonen i USA ikke høynet risikoen for smitte til mennesker i Norge.

2 Epidemiologisk situasjon og viktige utviklingstrekk

2.1 Global utvikling av høypatogen fugleinfluensa

Utvikling på dyresiden

De siste årene har det vært omfattende utbrudd av høypatogen fugleinfluensa (HPAI) blant fugler globalt. Spredningen er svært alvorlig for dyrehelse og –velferd, og har store konsekvenser for biodiversiteten hos allerede pressede villfuglpopulasjoner. I tillegg til utbredt smitte blant villfugl, især ande- og måkefugler, har det vært store utbrudd av H5-influensavirus i kommersielle fjørfehold over hele verden, og økende smitte til flere pattedyr i både Sør-Amerika (sjøpattedyr), Nord-Amerika (melkekyr) og Europa (flere rovdyrarter). Virus har spredd seg til og mellom pattedyr, blant annet mellom sjøpattedyr i Sør-Amerika og blant melkekyr i Nord-Amerika. Dette kan igjen øke risikoen for at viruset tilpasser seg nye arter, og slik tilegne seg egenskaper som gjør at det kan smitte lettere til mennesker (zoonotisk risiko) og eventuelt mellom mennesker.

Situasjonen med A(H5N1)-utbrudd i Nord-Amerika har forverret seg siden forrige risikovurdering (24.06.24). Det pågår to parallelle, store utbruddshendelser i storfeføringen blant melkekyr (genotype B3.13, introdusert fra villfugl én gang i slutten av 2023), og i villfugl (genotype D1.1 og D1.2) [1]. Begge hendelser har også gitt smitte med massive utbrudd i fjørfeføringen. Virusene tilhører i likhet med virus i Europa H5 klade 2.3.4.4b, men har utviklet en annen genetisk sammensetning enn de europeiske genotypene.

Smitten i storfeføringen ble oppdaget i mars 2024 blant melkekyr i USA, men første opprinnelse av B3.13 viruset i villfugl antas å ha vært rundt november 2023 [2]. Utbruddet omfatter totalt 951 besetninger i 16 delstater per 31.01.25 [3], og siden juni 2024 har det vært flest rammede besetninger i California. Viruset spres fra dyr til dyr innad i besetninger via kontaminert melkingsutstyr, og mellom delstatene ved utstrakt transport av dyr. Smittede kyr får hovedsakelig mild sykdom med utskillelse av virus i melken før kliniske tegn utvikler seg, noe som gjør det mer utfordrende å påvise og bekjempe smitten. Myndighetene og næringene har ikke lyktes med å bekjempe epizootiene blant melkekyr og fjørfe.

Viruspåvisning i upasteurisert melk har medført økende bekymring for smitte til mennesker. Et føderalt pålegg om testing av tankmelk ble innført i desember 2024 [4]. Studier indikerer at infeksjon hos melkekyr kan være subklinisk eller mild, men virusutskillelsen i melk kan representere en potensiell risiko for videre spredning [5, 6].

Smittespredning blant fjørfe og i fjørfeføringen har pågått siden 8. februar 2022 og inkluderer 51 delstater, 652 kommersielle fjørfehold og 779 hobbyfjørfehold [1]. I motsetning til de fleste melkekyrne, som etter hvert blir friske, blir fuglene alvorlig syke og dør eller avlives. Ved påvisning av smitte hos fjørfe blir hele flokken avlivet, og kadavrene blir destruert. Dette følges opp med grundig rengjøring og desinfeksjon av gården før driften kan gjenopptas.

HPAI A(H5N1)-smitte er også rapportert hos en rekke andre pattedyr i USA, men særlig bekymring knyttes til smitte påvist hos katter på grunn av deres kontaktflate med mennesker. Kattene har varierende grad av kliniske tegn på infeksjon i luftveier, sentralnervesystemet eller begge steder. Mange blir alvorlig syke og dør. Smitte med HPAI A(H5N1) er også påvist blant katter i Frankrike, Sør-Korea og Polen. I USA synes smitten blant katter å spre seg via ulike smittemekanismer. Gårdskatter

blir smittet av B.3.13 gjennom inntak av upasteurisert melk fra syke kyr. Innekatter andre steder blir trolig smittet og syke etter inntak av ubehandlet fôr som inneholder rått kjøtt fra smittet fugl eller rå kumelk fra uoppdagede, smittede besetninger [7, 8]. Sykdomsforløpet hos katter involverer vanligvis nevrologiske og respiratoriske symptomer som kan føre til alvorlig sykdom samt død [9]. Men, det er ingenting som tyder på at virusene smitter mellom katter.

Utvikling på humansiden

Siden forrige risikovurdering (juni 2024) har det forekommet flere tilfeller av A(H5N1)-smitte til mennesker. Til tross for den høye forekomsten av smitte blant særlig villfugl og fjørfe globalt, er det få kjente tilfeller av smitte til mennesker, også der mennesker har vært utsatt for høygradig smitteeksponering [10]. Det er fortsatt ingen indikasjoner på smitte mellom mennesker. Humantilfellene påvises sporadisk og kan i all hovedsak kobles til smitteeksponering fra syke eller døde fugler og dyr.

I 2024/25 har det vært særlig årvåkenhet rundt de pågående parallelle utbruddene i hhv. storfenæringen og fjørfeæringen i Nord-Amerika [10]. Virusene som gir utbrudd i USA, tilhører A(H5Nx), klade 2.3.4.4b, men har utviklet en annen genetisk sammensetning enn virusene som sirkulerer i Europa. Utbruddene har medført sporadiske tilfeller av smitte fra dyr til mennesker. Per 6. februar 2025 har CDC rapportert om totalt 67 humantilfeller fra 10 stater i USA. For 64 av tilfellene er det kjent eksponering fra syke eller døde dyr, henholdsvis; melkekyr (40), kommersielt fjørfehold (23) og annen eksponering for dyr (1). For de tre siste tilfellene er det ikke kjent hvor smitten kommer fra [11]. Det er gjort grundig smittesporing og epidemiologiske undersøkelser for å finne smitekilden, og det er ingen indikasjon på smitte mellom mennesker. I 2024 ble det også rapportert om ett tilfelle i Canada, 12 tilfeller i Asia i hhv Kambodsja (10), Vietnam (1), Kina (1) og ett tilfelle fra Australia (smittet på reise til India) [12]. I slutten av januar 2025 rapporterte England om ett humantilfelle av A(H5N1) etter kjent kontakt med infisert fjørfe smittet med europeisk genotype DI.2 (altså ikke amerikansk D1.2). Det rapporteres at personen er frisk igjen [13].

For majoriteten av tilfellene i Nord-Amerika er det rapportert om milde symptomer, som konjunktivitt (øyekatarr), feber og milde luftveissymptomer med relativt kort sykdomsforløp [14] [15]. De fleste tilfellene i 2024 var smittet med genotype B3.13 (som forårsaker epizootien blant melkekyr). Det er imidlertid rapportert om to tilfeller av alvorlig sykdom hos mennesker, begge som følge av smitte med genotype D1.1, som har sirkulert blant fugl. Det ene tilfellet var en tenåring i Canada som ble sykehusinnlagt i november 2024, kritisk syk med alvorlig luftveissykdom [16]. Eksponering er ikke kjent, og personen er i bedring. Det andre tilfellet var en eldre person i USA med underliggende sykdom, som ble smittet etter kontakt med infiserte fugler. Personen ble sykehusinnlagt med alvorlig luftveissykdom i desember 2024 og døde [17]. Disse to tilfellene ble fanget opp i ordinære influensaovervåkingssystemer, noe som kan tyde på at det er mer omfattende smitte enn det som blir rapportert.

Det er ingen indikasjon på smitte *mellom* mennesker i Nord-Amerika, men situasjonen overvåkes nøye. Det er særlig årvåkenhet rundt tilfeller uten kjent eksponering, som de to tilfellene som ble alvorlig syke av genotype D1.1., og at humantilfeller oppdages i den generelle luftveisvirusovervåkingen, som understreker behov for årvåkenhet for risikoen for en ny influensapandemi. Generelt skyldes oppmerksomheten rundt HPAI-smitte globalt rapporter om sporadiske tilfeller av alvorlig sykdom ved smitte, og risikoen for at viruset skal utvikle seg til å smitte mer effektivt til, og

eventuelt mellom, mennesker. Dødeligheten (letalitet eller Case Fatality Rate (CFR)) for H5-virus av klade 2.3.4.4b er usikkert da man ikke har god nok kunnskap om forekomsten av smittetilfeller som ikke er laboratoriebekreftet. Utfra rapporterte sykehusinnlagte pasienter er dødeligheten for subtypen A(H5N1) (alle klader) på rundt 50 %. Det er en svært høy CFR sammenlignet med andre infeksjonssykdommer, men er nok ikke reell. Erfaringene fra humansmitte i Nord-Amerika, tyder så langt på en langt lavere CFR.

2.2 Utviklingen på dyresiden i Norge

Forekomsten av HPAI-virus hos dyr overvåkes passivt og aktivt i Norge. I Norge er smitte med HPAI utelukkende påvist blant fugler og enkelte ville pattedyr. Alle HPAI-tilfellene som er påvist, tilhører A(H5Nx), klade 2.3.4.4b. Disse virusene tilhører undergruppen av H5-virus som de siste årene har spredt seg globalt (H5 HA klade 2.3.4.4b). Fra 2021 er det særlig virus av subtype A(H5N1) som har dominert bildet i Norge, men subtype A(H5N5) har vært i sterk fremvekst det siste året.

I 2020 ble HPAI for første gang påvist blant ville fugler i Norge, og er siden påvist ved utbrudd i fem kommersielle fjørfehold (alle i Rogaland i fjørfehold som er lokalisert nær viktige våtmarksområder for ville fugler), to fugleparker og tre hobbyfjørfehold, i tillegg til flere påvisninger og utbrudd blant villfugl, særlig and- og måkefugler [18, 19].

Omfattende smitte blant villfugler siden 2020 har ført til smitte til andre rovfugler og enkelte ville pattedyr som kommer i kontakt med, eller spiser, smittet fugl. Blant pattedyr er det påvist HPAI hos seks rødrever, ei gaupe og én oter på fastlands-Norge, samt hos en hvalross på Svalbard. Det har aldri vært rapportert om smitte med HPAI til mennesker i Norge. I forbindelse med utbrudd i fjørfehold har mindre enn ti personer som har vært eksponert blitt testet for influensa A, som følge av symptomutvikling. I disse tilfellene har prøvene enten vært negative, eller det har blitt påvist andre luftveisagens som kunne forklare symptomene [18, 19].

Siden april 2024 har det nesten ikke vært påvisninger av A(H5N1) i Norge [18], men i starten av februar 2025 ble det påvist A(H5N1) hos en hvitkinngås i Rogaland. Det har vært flere påvisninger av A(H5N5) hos villfugl, i et hobbyfjørfehold, hos ei gaupe og en oter [20, 21]. Disse A(H5N5)-virusene representerer en undergruppe av klade 2.3.4.4b høyypatogen fugleinfluensa som har forekommet lengst nord i Norge siden 2022. Selv om det foreløpig ikke er registrert smitte med denne A(H5N5)-virusgruppen til mennesker, er genotypebildet stadig endring. Situasjonen overvåkes derfor nøye.

Gjennom sommeren 2024 var det få påvisninger av HPAI blant villfugl både i Norge og resten av Europa [18, 22]. Utover høsten var det sporadiske påvisninger av HPAI A(H5N5) hos døde villfugler, spesielt hos måkefugl og kråker i Nord-Norge. I forbindelse med funn av 70 døde måker i Kvæningen i Troms ble det påvist HPAI A(H5N5) hos noen få testede måker [23].

Fugleinflusavirus blir rutinemessig sekvensert og analysert for viktige markører for pattedyrtilpasning. Et eksempel på en slik mutasjon som kan føre til mer effektiv virusproduksjon i pattedyrceller, er PB2-E627K/V. Den er påvist i A(H5N1)- og A(H5N5)-sekvenser fra norske fugler og pattedyr. Disse påvisningene er imidlertid sporadiske og er forventet å kunne opptre. En opphopning av slike påvisninger hos ville fuglearter ville indikere omfattende tilpasning og økt risiko; imidlertid er

ingen slik trend blitt observert. Analyse av helgenomsekvenseringsdata tyder på at smitten fra fugl til pattedyr i Norge er sporadisk (spillover) og i tråd med det som er observert i andre land. Smitte mellom pattedyr er ikke påvist i Norge.

2.3 Virusegenskaper: evolusjon og ny kunnskap

Om det overordnede bildet melder Verdens helseorganisasjon (WHO) sammen med FNs organisasjon for ernæring og landbruk (FAO) og verdens dyrehelseorganisasjon (WOAH) rett før jul at ingen av disse virusene har vist tegn til å endre seg i retning av å lettere smitte celler i øvre luftveier hos mennesker [10]. Den nylige globale økningen i pattedyrinfeksjoner skyldes hovedsakelig høy sirkulasjon hos ville fugler og miljøkontaminering snarere enn spesifikke genetiske endringer[24]. Selv om den pågående genetiske diversifiseringen av viruset er forventet, øker den også sannsynligheten for at to forskjellige virus infiserer samme celle og bytter genetisk materiale, såkalt reassortering, og videre tilpasning av H5-virusene [24]. Bekymringen som ble uttrykt i FHIs risikovurdering i juni 2024 om reassortering med sesonginfluensavirus dersom utbrudd ikke kom under kontroll før influensasessongen, er dessverre fortsatt aktuell [24] og fugleinfluensavirus reassorterer hyppig [25].

Noen trekk ved virusene beskrives best for den enkelte genotype.

Genotype B3.13

I det stadig voksende utbruddet hos melkekyr i USA er det fortsatt genotype B3.13 som påvises, med 'spillover' til fjørfe, andre dyr på gårdene, sporadiske zoonoser til mennesker, og kontaminering av melk. Alle virusene ligner hverandre og indikerer ett sammenhengende utbrudd etter én introduksjon sent i 2023. Viruset som sirkulerer, er fortsatt primært tilpasset fugl. Den pågående diversifiseringen av klade 2.3.4.4b B3.13-virus hos storfe, særlig i HA-, PB2- og NS1-genene, indikerer en potensiell risiko for utvikling av hittil ukjente tilpasningsmarkører. Selv om ingen kjente markører for pattedyrtilpasning hittil er identifisert [26], øker akkumuleringen av substitusjoner drevet av tilfeldige mutasjoner eller seleksjon av sannsynligheten for tilpasning. I tillegg bidrar det høye antallet infiserte verter til økt risiko for rekombinasjon med andre influensavirus, noe som ytterligere kan fremme smittsomhet og tilpasning [27].

Infeksjon hos andre dyr:

Rapporter fra USDA viser at under B3.13-utbruddet på melkeproduksjonsgårder ble også fjøskatter smittet med A(H5N1)-viruset. Omtrent 50 prosent av gårdene som var rammet, rapporterte om syke eller døde katter. Obduksjoner av katter i Texas avdekket virusets tilstedeværelse i flere organer, inkludert hjernen, lungene og hjertet. Alvorlig encefalitt ble også dokumentert [28, 29].

Eksperimentelle studier gjennomført av CDC i Atlanta viste at B3.13-viruset sprer seg systemisk hos ilder. Etter inokulering ble viruset påvist i alle større organer hos dyrene. I tillegg ble overføringsevnen til B3.13 vurdert som høyere sammenlignet med andre A(H5N1)-virus i 2.3.4.4b-kladen, noe som kan antyde en mulig økt spredningsrisiko [30].

Da vår forrige risikovurdering ble gjort i juni 2024, var det uklart om det var noe spesielt ved denne genotypen som gjorde at det smittet melkekyr fra jur til jur, og dermed om andre genotyper av H5-virus for eksempel i Europa ikke gir samme risiko. Smitteforsøk hos kyr har senere vist at andre

varianter av A(H5N1)-virus også kan smitte i jur og med samme kliniske bilde hos kyr [31]. Det er imidlertid fortsatt uvisst om andre genotyper smitter like effektivt mellom dyr på denne måten.

Hos mennesker har alle de beskrevne tilfellene som kan knyttes til utbruddet blant melkekyr, hittil vært milde [14]. Foreløpige laboratorieforsøk [32, 33] har vist at B3.13-virusene ikke aktiverer en av de sentrale immunveiene som kan ha bidratt til patogenisiteten til de tidlige A(H5N1)-isolatene fra mennesker i Sørøst-Asia tidlig på 2000-tallet, med svært høy dødelighetsrate. Det er altså mulig at genotype B3.13-virus, kan hende også et bredere spekter av klade 2.3.4.4b-virus, på denne måten har mindre sykdomsfremkallende evne. I ett virus fra fugl, ett virus fra humantilfeller og ett virus fra kyr (2/3442) er det påvist redusert følsomhet for antivirale legemidler, med en mutasjon som svekker følsomheten for baloxavir [34]. Disse to tilfellene av substitusjoner som fører til legemiddelresistens, har imidlertid oppstått uavhengig av hverandre i september 2024 og har ikke blitt påvist siden.

Genotype D1.1

Denne genotypen er helt forskjellig fra virus i melkeku-utbruddet, skriver seg fra en annen import av klade 2.3.4.4b -virus til det amerikanske kontinentet, og har reassortert med nordamerikanske fugleinfluenzavirus på en annen måte. Blant annet har genotypen ervervet N1-gen fra et nordamerikansk lavpatogent virus. Utbrudd i fjørfe representerer antakelig multiple introduksjoner fra villfugl og ikke ett sammenhengende utbrudd. Det er publisert sekvenser fra minst 12 D1.1-virusinfeksjoner hos mennesker, de fleste i delstaten Washington, men også i noen andre delstater, inkludert det fatale tilfellet i Louisiana. Denne genotypen ble også påvist hos det alvorlige tilfellet i Canada. Hos de to sistnevnte fant man mutasjoner i en liten andel av virusene i prøven som kan gi tilpasning til å smitte lettere hos mennesker, men det ble vurdert at disse hadde oppstått under et langt sykdomsforløp i pasientene, ikke finnes hos virus i fugl og ikke har smittet videre [16, 35]. Basert på at 2 av under 20 kjente humantilfeller med denne genotypen har vært svært alvorlige, er det mulig at denne genotypen hos mennesker har mer alvorlig sykdomsfremkallende evne enn B3.13-genotypen. I noen få av tilfellene i Washington ble det påvist en mutasjon som påvirker følsomheten for oseltamivir (Tamiflu), men trolig ikke så mye at det gir klinisk resistens [15]. Den 31. januar ble genotype D.1.1 påvist i en melkeku-besetning i Nevada, gjennom den utvidede tankmelktestingen. Dette er første påvisning av annen genotype enn B3.13 hos melkekyr [36].

Genotype D1.2

Genotype D1.2 har blitt påvist hos villfugl og hos fjørfe samt en gris i Oregon sist høst [37]. Vi kjenner ikke til smitte til mennesker. Denne genotypen har nært slektskap til D1.1, men har et annet PA-gensegment.

HPAI A(H5N5) virus, genotype I, i Norge

HPAI H5-virus som har forekommet i Norge har som i andre land vært i stadig endring. Det siste året har påviste virus i hovedsak vært subtype A(H5N5), genotype I. Disse har sirkulert i nordområdene i flere år og har sitt reservoar hos sjøfugl. De har det siste året også blitt påvist i et fåtall pattedyr (rødrev, gaupe og oter). Det har hittil aldri blitt påvist smitte til mennesker med denne genotypen eller andre virus av subtype A(H5N5). Flere av de karakteriserte virusene fra pattedyr og enkelte fra fugl har hatt mutasjon i PB2-genet som øker replikasjonsevnen hos pattedyr (E627K) [18, 23].

A(H5N5)-virus i denne gruppen er i forsøk vist å gi alvorlig sykdom hos ildere, med en viss evne til kontaktsmitte[38].

I desember 2024 ble det påvist A(H5N5) hos en alvorlig syk gaupe som ble avlivet i Kvæningen kommune [21]. A(H5N5) har vist seg å kunne forårsake alvorlig sykdom hos fugler, og i november 2024 ble det påvist HPAI A(H5N5) i et hobbyfjørerfehold i Trøndelag [19].

3 Folkehelseimplikasjoner og endringer i risikovurdering

Risikovurderingen skal danne grunnlaget for en kunnskapsbasert vurdering av utbruddene som pågår i Nord-Amerika og risiko for videre utvikling av dette til en mer omfattende epidemi/pandemi som kan få implikasjoner for Norge. Vurderingen vil bli oppdatert ved vesentlige endringer i situasjonen.

FHI vurderte i juni 2024 sju spørsmål for bedre forståelse av Én helse-trusselen knyttet til utbruddet (se tabell 2). Vi gjør nå en oppdatert vurdering av disse spørsmålene. Risiko for at H5-virus fra fugl eller melkekyr fra USA kommer inn i norsk dyrehold eller villfugl er ikke dekket i denne vurderingen, som har fokus på folkehelseimplikasjoner.

I tillegg har FHI på nytt gått gjennom risikovurderingen fra 2023 om risiko for smitte til mennesker i Norge og vurdert den samlede risikoen for dette.

Følgende begreper benyttes og risiko vurderes i kategoriene liten, middels og stor:

Tabell 2. Beskrivelse av begreper som er brukt i denne risikovurderingen.

Sannsynlighet	Sannsynligheten for at en hendelse inntreffer
Omfang	Den sannsynlige størrelsen på den aktuelle hendelsen
Konsekvens	Følgene av hendelsen hvis den inntreffer med det sannsynlige omfanget
Risiko	Produktet av sannsynlighet og konsekvens
Konfidens til kunnskapsgrunnlaget (tiltro/visshet)	Konfidens i kunnskapsgrunnlaget for vurderingen. Ved liten tiltro konkluderer vi ikke om risiko.

De viktigste momenter for vurdering er som følger:

1. Hva er risiko for vedvarende pattedyr-til-pattedyr smitte?

Vurderingen under dette punktet gjelder primært utbruddet hos melkekyr i USA.

Risiko: Risikonivået forblir uendret (**stor**), men anses å være noe ytterligere økt som følge av de nevnte faktorene.

Sannsynlighet: **Stor** for HPAI A(H5N1) genotype B.3.13 som smitter mellom melkekyr i USA. Det er sikker indikasjon på effektiv og vedvarende smitte mellom melkekyr, men denne skjer nesten utelukkende via jur-til-jur-overføring, ikke via luftveissmitte. Det er ikke vist verken vedvarende smitte mellom, eller videresmitte, fra andre pattedyr enn melkekyr. Andre pattedyr (for eksempel katter) har blitt smittet ved eksempelvis inntak av kontaminert fugl, rå melk eller næringsmiddel. Det har ikke blitt observert virustilpasninger som fremmer smitte gjennom øvre luftveier hos mennesker.

Omfang: Omfanget av utbruddet hos melkekyr i USA er **stort** og betydelig større enn det var sommeren 2024. Smitten forblir omfattende, økende og ukontrollert i melkekyrbesetninger og fjørfehold, med et økende antall 'spillover' til andre pattedyr (hovedsakelig katter).

Konsekvens: Potensialet for alvorlige konsekvenser vurderes som økt, ettersom en pågående influensaepidemi hos mennesker medfører en økt risiko for fremvekst av et reassortert hybridvirus. Vi har satt konsekvensen til **middels**, men usikkerhetsspennet går fortsatt fra liten til svært stor.

Tiltro/visshet: Grunnlaget for vurderingen har blitt styrket siden juni 2024 og er **stor**, unntatt for konsekvens. Det er fortsatt betydelig usikkerhet knyttet til folkehelsekonsekvensene, som kan variere fra liten (sporadiske milde zoonoser) til svært stor (alvorlig pandemi).

2. Hva er risiko for at viruset (nå) har utviklet større evne til å smitte til og mellom pattedyr?

Ett nøkkelspørsmål i forrige vurdering var om det spesifikke B3.13-viruset i melkekyr utbruddet, der man har omfattende smitte mellom pattedyr, i seg selv har egenskaper som har muliggjort utbruddet, eller om det samme like gjerne kunne skje med flere andre genotyper/varianter. Hvis det ikke er virusets egenskaper, men andre omstendigheter eller tilfeldigheter som har bidratt til at utbruddet kunne skje, så kan det samme skje andre steder med andre fugleinfluensavirus, ved lignende omstendigheter. Vi har altså nå noe mer kunnskap, men fortsatt ikke data om tilsvarende smittsomhet for andre genotyper. I slutten av januar 2025 kom imidlertid det første funnet av en annen genotype, D.1.1, hos melkekyr i Nevada og påvist i tankmelk, noe som viser at andre genotyper også kan smitte på lignende måte.

Vurderingen under dette punktet gjelder primært utbruddet hos melkekyr.

Risiko: Risikonivået forblir uendret og kategoriseres fortsatt som **middels**.

Sannsynligheten anses fortsatt som **middels** for at B3.13-virus har styrket evne til å smitte til og mellom pattedyr, men ikke i øvre luftveier hos mennesker. Sannsynligheten er noe økt på grunn av økt genetisk diversitet, videre evolusjon, og størrelsen på utbruddet i USA. Forsøk har vist at andre genotyper kan smitte gjennom jur og forårsake samme sykdomsbilde, men det er imidlertid fortsatt uklart om disse genotypene har tilsvarende smittsomhet.

Omfang: Omfanget av eventuell endring i smittsomhet er fremdeles satt som **lite til middels**. Det er mulig at B3.13-virus har økt evne til å smitte kyr fra jur til jur, men det er ikke holdepunkt for at det er særlig endrede egenskaper for luftveissmitte. Smitteforsøk mellom ildere kan antyde at B3.13 har noe høyere smittsomhet enn tidligere klade 2.3.4.4b-virus.

Konsekvens: Potensialet for alvorlige konsekvenser anses nå som økt, ettersom det samtidig pågår en influensaepidemi hos mennesker. Dette medfører en økt risiko for at et reassortert humantilpasset hybridvirus kan oppstå. Konsekvens er derfor høynet fra liten til **middels**.

Tiltro/visshet (Smitteveier): Konfidensen er **middels**, da det fremdeles mangler tilstrekkelige data om hvorvidt andre genotyper enn B3.13 smitter like lett gjennom overføring mellom jur. Grunnlaget for vurderingene har blitt styrket siden juni 2024.

Likevel er det fortsatt betydelig usikkerhet knyttet til mulige folkehelsekonsekvenser, som kan variere fra begrenset (sporadiske milde zoonoser) til svært alvorlig (utbrudd av en alvorlig pandemi)

3. Hva er risiko for at viruset utvikler evne til å smitte effektivt til og mellom mennesker? (framoverskuende)

Vurderingen under dette punktet gjelder for det meste B3.13-viruset hos melkekyr i USA, men også noe om endringer observert hos humantilfeller med D1.1-virus.

Risiko: Risikoen vurderes som fortsatt **liten**, men noe økende.

Sannsynlighet: Sannsynligheten vurderes som **liten**, men økende og ikke neglisjerbar. Eksempler på mutasjoner i viruset som ble oppdaget hos de to sykehusinnlagte, viser en viss tilpasningsevne til menneskelig vert. Dette indikerer at potensialet for videre tilpasning eksisterer. Det er viktig å påpeke at disse mutasjonene ikke er observert i sirkulerende virus. Likevel øker en stadig voksende genetisk diversitet risikoen for fremvekst av virus som kan være mer smittsomme og/eller lettere reassortere med humane influensavirus. Sannsynligheten for reassortering er nå betydelig større, ettersom det samtidig pågår en epidemi med sesonginfluensa.

Omfang: Ikke aktuelt. Kan ikke vurderes, men det faktum at man finner humantilfeller i den generelle overvåkingen av luftveisvirus utenfor kasusdefinisjoner/smittesporing/eksponering, tyder på at omfang av zoonoser kan være større enn det som er kjent.

Konsekvens: Potensialet for konsekvenser vurderes som **stor**, med tanke på risikoen for fremvekst av et reassortert virus som kan ha alvorlige folkehelseimplikasjoner.

Tiltro/visshet: Vi har omfattende kunnskap om mange elementer i denne vurderingen, men ikke om hva som skal til for at slike virus faktisk får denne evnen. Basert på det vi har kunnskap om, er de aktuelle virusene langt unna det som skal til, og til denne vurderingen har vi **stor tiltro**.

4. Hva er utsiktene til at situasjonen ikke snarlig bringes under kontroll?

Vurderingen under dette punktet gjelder primært situasjonen i USA.

Risiko: Risikonivået vurderes som økende og er endret fra «middels til stor» til **stor**. Hvorvidt situasjonen blant melkekyr i USA snarlig bringes under kontroll, er avhengig av tiltakenes effekt og den politiske situasjonen.

Sannsynlighet: **Stor**; Det økende antallet smittehendelser og utbrudd tyder på at gjeldende tiltak ikke er tilstrekkelige til å bekjempe smitten.

Omfang: Omfanget av smitte er **stort** og voksende, noe som understreker behovet for forbedrede tiltak og tettere overvåking.

Konsekvens: Mangelfulle tiltak kan føre til økt spredning og vanskeliggjøre kontroll, med potensielt alvorlige konsekvenser for folkehelse. Fortsatt **middels**.

Tiltro/visshet: Usikkerheten rundt politisk håndtering og implementering av effektive tiltak har økt. Settes som **stor**.

5. Hva er risiko for at situasjonen i USA fører til smittede mennesker i Norge eller hos norske reisende?

Risiko: Risikonivået forblir uendret og vurderes fortsatt som **liten**.

Sannsynlighet: Gitt at amerikanske helsemyndigheter vurderer risikoen for smitte til mennesker som oppholder seg i USA som liten[15], risikoen for spredning av dette viruset hos storfe i USA til Norge er minimal, samt at det ikke er noe som tyder på smitte til storfe i Norge, anser vi risikoen for at den nåværende situasjonen skal føre til smitte av mennesker i Norge eller hos norske reisende som svært liten. Størst risiko vil være ved ubeskyttet besøk i høyrisikomiljø (særlig om man bistår i arbeidet med melking i besetninger med smitte i USA) eller ved inntak av upasteurisert melk fra smittede besetninger. Risikoen for norsk befolkning vil først øke dersom situasjonen endrer karakter, enten ved tilsvarende utbrudd i Norge eller ved at viruset utvikler smittsomhet til og mellom andre pattedyrarter og den globale risikoen for epidemi/pandemi forverres. FHIs generelle smittevernråd for reiser vurderes som tilstrekkelige også vedrørende utbruddet av HPAI i storfe i USA: <https://www.fhi.no/sm/smittevernrad-ved-reiser/reiserad/nord-og-mellom-amerika/usa/>

Sannsynligheten vurderes som **liten** for at den nåværende situasjonen i USA vil føre til smittede mennesker i Norge eller norske borgere som reiser til USA.

Omfang: Omfanget vurderes som **lite**, basert på at det er få norske borgere/ personer som kommer til Norge som vil ha hatt høy risikoeksponering, samtidig som risikoen for at slik smitte forekommer i Norge er liten.

Konsekvens: Så lenge alvorligheten av sykdommen er uendret, og viruset ikke har tilegnet seg egenskaper som gjør at det effektivt smitter mellom mennesker ansees konsekvens som **liten**.

Tiltro/visshet: Vi har **stor** tiltro/visshet om en slik vurdering.

6. Hva er risikoen for at viruset ikke dekkes godt nok av tilgjengelige vaksiner?

Vurderingen omfatter risikoen for at vaksinen vi har tilgjengelig nå (basert på Astrakhan -stammen) *ikke* forebygger zoonotisk smitte fra dyr til menneske med virustype A(H5Nx), klade 2.3.4.4b.

Risiko: **Liten** fordi vaksinen som er tilgjengelig, er tilpasset den aktuelle kladen (se under).

Sannsynlighet: Det er **liten** sannsynlighet for at det zoonotiske utbruddsviruset ikke dekkes godt nok av vaksinen vi har tilgjengelig (basert på Astrakhan-stammen). WHO har opplyst at sekvensanalyser og antigen karakterisering indikerer at utbruddsviruset er antigen nært til flere tilgjengelige virus som er kandidater for å benyttes i vaksiner. Dette inkluderer det viruset som brukes i vaksinen

Zoonotic Influenza Vaccine (H5N8) Seqirus som er anskaffet i EU HERA-regi, [som omtalt i risikovurderingen fra juni 2024](#).

Konsekvens: Konsekvensen av en eventuell dårlig vaksine-match vil være at man må bruke noen tid på å utvikle nytt vaksinevirus og produsere ny zoonotisk influensavaksine. Konsekvens settes derfor til **middels**.

Tiltro/visshet: **Stor**. WHO har vurdert at det ikke er behov for å oppdatere vaksinen med å utvikle noe nytt vaksinevirus.

7. Er virus resistent mot tilgjengelige antivirale legemidler?

Denne **vurderingen** er gjort bredt med både nåværende og tidligere A(H5Nx)-genotyper.

Risiko: Risikonivået vurderes på nåværende tidspunkt som **liten**, med ingen indikasjoner på resistens i sirkulerende virus.

Sannsynlighet: Vurderes som **liten**, da det ikke er indikasjoner på at de sirkulerende virusene i melkekyr har utviklet resistens mot tilgjengelige antivirale legemidler.

Omfang: Vurderes som **lite** da det ikke er påvist virus med resistensmutasjoner i stort omfang.

Konsekvens: Dersom antiviral resistens skulle oppstå, kan det få **store** konsekvenser for både behandlingsstrategier og smittevernstiltak. Resistens kan i betydelig grad påvirke håndteringen av utbrudd, potensielt øke risikoen for alvorlig sykdom hos mennesker, samt redusere nytteverdi av nåværende antivirale beredskapslagre.

Tiltro/visshet: Det er **stor** tiltro til denne vurderingen, basert på omfattende genetisk sekvensering av virus fra utbrudd i USA og tidligere studier av A(H5N1)-varianter som har smittet mennesker og dyr. Det er ikke funnet utbredt resistens i disse analysene, og nåværende antivirale behandlinger er fortsatt effektive. Imidlertid er fortsatt overvåking nødvendig på grunn av virusets pågående utvikling høye mutasjonsfrekvens ved store utbrudd.

8. Hva er risiko for smitte fra dyr til mennesker i Norge?

FHI vurderte i juni 2023 at det for befolkningen generelt var *svært lav risiko* for smitte med influensa A(H5Nx) 2.3.4.4b (risikospørsmål 8a). Risiko for at det skulle oppstå smitte hos personer i kontakt med smittede tamme fugler (risikospørsmål 8b) eller et stort antall syke og døde villfugl (risikospørsmål 8c) ble vurdert som *lav*, siden antallet slike eksponeringer i Norge ble ansett som lav og viruset er lite smittsomt til mennesker. Denne risikoen (8b & 8c) kunne reduseres til *svært lav* ved riktige beskyttelsestiltak/utstyr.

I vurderingen inngikk det også at kjente tilfeller av smitte med A(H5Nx) klade 2.3.4.4b generelt hadde gitt meget mild sykdom.

Det har vært vekslende subtyper og genetiske varianter av HPAI-virus i Norge i perioden siden juni 2023, og slik variasjon må forventes også framover som følge av nye introduksjoner og vedvarende sirkulering av tidligere varianter. HPAI H5-virus som har forekommet i Norge i det siste året har

hovedsakelig vært subtype A(H5N5), genotype I. Det har hittil aldri blitt påvist smitte til mennesker med denne genotypen eller andre virus av subtype A(H5N5).

Med unntak av omfattende utbrudd hos blant annet havsuler i 2022 og kolonihekkende krykkjer sommeren 2023, har virus blitt påvist forholdsvis sporadisk hos villfugl, det har vært få utbrudd hos fjørfe og få påvisninger hos pattedyr. Det er derimot grunn til å tro at det er store mørketall for HPAI hos villfugl, og at ulike arter av sjøfugl som gråmåker og havsuler har blitt hardere rammet enn tidligere antatt. Flere påvisninger av HPAI-virus hos pattedyr og sporadiske påvisninger hos rovfugl og åtselugl i tidsrom hvor det ikke har vært mange påvisninger av HPAI hos villfugl tyder også på at det sirkulerer mer virus blant villfugl enn det man faktisk fanger opp. Men dette skjer antakelig for det meste hos arter og på steder som folk flest er lite eksponert for.

Det har forekommet flere tilfeller av eksponering til mennesker uten tilstrekkelig beskyttelsesutstyr/tiltak i forbindelse med håndtering av infiserte fugler og pattedyr, gjerne før det oppsto mistanke om fugleinfluensasmitte. I noen av disse tilfellene har det oppstått luftveissymptomer, men oppfølgende testing har ikke avdekket fugleinfluensasmitte hos noen av disse[23].

8a. Risiko for infeksjon med A(H5Nx) i den generelle befolkningen

Risiko: Risiko vurderes fortsatt som **svært liten** for den generelle befolkningen.

Sannsynlighet: **Svært liten**, uendret siden 2023.

Omfang: Eksponering til smitte er fortsatt **svært lite** omfattende

Konsekvens: Kombinasjonen av svært liten eksponering, lav smitteevne, generelt mild sykdom ved smitte og fravær av videre smitte mellom mennesker tilsier fortsatt at konsekvens på befolkningsnivå er **svært liten**.

Tiltro/visshet: Vi har fortsatt **stor tiltro** til denne vurderingen.

8b. Risiko for infeksjon med A(H5Nx) for personer i nær kontakt med smittede tamme fugler (fjørfehold og hobbyfjørfehold)

Risiko: Fortsatt vurdert som **liten**, og at den kan reduseres til svært liten ved riktig bruk av personlig beskyttelsesutstyr.

Sannsynlighet: Fortsatt regnes sannsynligheten for smitte som **liten**, siden omfanget av utbrudd hos tamfugl, størrelse av besetninger, m.m. er mindre enn ellers i Europa, og at det i Norge er godt organiserte rutiner, kompetanse og oversiktlige forhold ved sanering av smitte – en situasjon der eksponering kan være mest intens.

Omfang: Fortsatt **lite** omfang av smitteeksponering, selv om det har økt noe fordi antallet eksponerte som har blitt utredet har økt, særlig i forbindelse med utbrudd i hobbyfjørfehold. I noen situasjoner i smittede fjørfehold er eksponeringen høy.

Konsekvens: Kombinasjonen av til dels kraftig eksponering, men lav frekvens, lav smitteevne til mennesker, generelt mild sykdom ved smitte og fravær av videresmitte mellom mennesker tilsier fortsatt at folkehelsekonsekvens er **liten**.

Tiltro/visshet: Vi har fortsatt **stor** tiltro til denne vurderingen.

8c. Risiko for infeksjon med A(H5Nx) for personer i nær kontakt med smittet villfugl/vilt

Risiko: Fortsatt vurdert som **liten**, og at den kan reduseres til svært liten ved riktig bruk av personlig beskyttelsesutstyr.

Sannsynlighet: Sannsynligheten beholdes som **svært liten**. Det har etter hvert forekommet noe flere slike eksponeringer enn ved forrige vurdering i 2023, men smitterisikoen i den enkelte eksponering ansees som lavere enn ved eksponering innendørs ved utbrudd i fjørfehold.

Omfang: Fortsatt **lite** omfang av smitteeksponering, selv om det har økt noe.

Konsekvens: Kombinasjonen av sjelden og moderat eksponering, lav smitteevne, generelt mild sykdom ved smitte og fravær av videresmitte mellom mennesker tilsier fortsatt at konsekvens på befolkningsnivå er **liten**.

Tiltro/visshet: Kunnskaps- og erfaringsgrunnlaget er fortsatt noe svakere for denne eksponeringsgruppen; vi har fortsatt **middels** tiltro til vurderingen.

Oppsummert i en tabell er vår vurdering av risikospørsmålene:

Tabell 3. Oversikt over tidligere (juni 2024) og oppdatert (februar 2025) risikovurdering om HPAI A(H5N1)-smitte i amerikansk storfe per 30. februar.2025. De tre siste spørsmålene (8 a, 8 b og 8 c) er en oppdatert risikovurdering om smitte fra dyr til mennesker i Norge fra juni 2023. *Mørk blå farge* indikerer endring i risikonivå (to spørsmål), mens *lys blå farge* markere endring i faktorene sannsynlighet, omfang, konsekvens eller sikkerhet i vurderingen sammenligner med tidligere risikovurdering.

Risikospørsmål	Risiko- vurdering fra juni 2024	Oppdatert risikovurdering januar 2025					Kommentar
		Ny vurdering av risiko	Sannsynlighet	Omfang	Konsekvens	Konfidens til kunnskaps- grunnlaget (tiltro/visshet)	
1. Hva er risiko for vedvarende pattedyr-til-pattedyr smitte?	Stor	Stor	Stor	Stort	Middels	Stor	Risikonivået forblir uendret. Vedvarende smitte mellom pattedyr foregår mellom melkekyr i USA, det er ellers ikke observert andre steder.
2. Hva er risiko for at viruset har utviklet større evne til å smitte til og mellom pattedyr?	Middels	Middels	Middels	Lite til middels	Middels	Middels	Risikonivået forblir uendret. Konsekvens er noe forhøyet da det er middels risiko for at viruset kan smitte enkelte pattedyr noe lettere enn tidligere og det igjen kan gi større eksponeringsflate og tilpasning til mennesker.
3. Hva er risiko for at viruset utvikler evne til å smitte effektivt til og mellom mennesker?	Liten, men økende	Liten, men økende siden juni 2024	Liten men økende	-----	Stor	Stor	Risikonivået forblir uendret, men vurderes som økende fordi viruset har vist at det har potensiale for videre tilpasning mot menneskelig vert. Det er stor tiltro til at samlet risikovurdering med gjeldene informasjon

4. Hva er utsiktene til at situasjonen ikke snart bringes under kontroll?	Middels til stor	Stor	Stor	Stort	Middels	Stor	Risikonivået er høynet. Tiltak har så langt ikke ført til kontroll, med situasjonen, det er ikke tegn til forbedring, heller økende kompleksitet i situasjonen, og uklar videre håndtering i USA.
5. Hva er risiko for at situasjonen i Nord-Amerika fører til smittede mennesker i Norge eller hos norske reisende?	Liten	Liten	Liten	Lite	Liten	Stor	Risikonivået forblir uendret og vurderes som liten. Årsaken er at smitten til mennesker i USA hovedsakelig har skjedd gjennom nær og kjent kontakt med infiserte dyr, og det er fortsatt ikke noe som tyder på tilsvarende smitte blant gårdsdyr i Norge. Det vurderes dermed at det er liten risiko for at situasjonen fører til smitte til norske reisende eller til smittede mennesker i Norge.
6. Hva er risikoen for at viruset ikke dekkes godt nok av tilgjengelige vaksiner?	Liten	Liten	Liten	-----	Middels	Stor	Risikonivået forblir uendret, da det ikke er noen endring i vurderingen av vaksineeffekt. Konsekvensen av at tilgjengelig vaksine ikke dekker utbruddsviruset er endret fra liten til middels. Mer smitte blant dyr øker kontaktflaten til mennesker, og en tilgjengelig effektiv vaksine som tilbud til potensielt eksponerte vil være viktig.
7. Hva er risiko for at virus er resistent mot tilgjengelige antivirale legemidler?	Liten	Liten	Liten	Lite	Stor	Stor	Det følges godt med på resistensforhold og forekomsten av resistente virus er svært liten.
8. Hva er risiko for smitte fra dyr til mennesker i Norge	Vurdering juni 2023	Ny vurdering av risiko	Sannsynlighet*	Omfang	Konsekvens	Konfidens til kunnskapsgrunnlaget (tiltro/visshet)	
8a. Risiko for infeksjon med A(H5Nx) i den generelle befolkningen	Svært lav	Svært liten	Svært liten	Svært lite	Svært liten**	Stor	Risiko for den generelle befolkningen vurderes fortsatt som svært liten, grunnet kombinasjonen av svært liten eksponering, lav smitteevne, generelt mild sykdom ved smitte observert i vår del av verden.
8b. Risiko for infeksjon med A(H5Nx) for personer	Lav***	Liten***	Liten	Lite	Liten	Stor	Risiko for denne gruppen vurderes fortsatt som liten, og reduserbar ytterligere til svært liten med beskyttelsestiltak. Lav frekvens og størrelse av slike utbrudd i Norge.

i nær kontakt med smittede tamme fugler							Innendørs sanering av smittede fjørfehold kan være en av situasjonene med kraftigst eksponering, men vurderes som trygt håndtert.
8c. Risiko for infeksjon med A(H5Nx) for personer i nær kontakt med smittet villfugl/vilt	Lav***	Liten***	Svært liten	Lite	Liten	Middels	Risiko vurderes fortsatt som liten, og reduserbar til svært liten med beskyttelsestiltak. Det er stadig og varierende forekomst av HPAI smitte hos villfugl/vilt, men omfang og intensitet av eksponering anses som lite, samtidig som virus er lite smittsomt.
<p>* Gjelder dersom man ikke har brukt beskyttelsesutstyr, eller ikke har fulgt gjeldende smittevernråd.</p> <p>**Det kan ikke utelukkes at smitte i sjeldne tilfeller kan gi alvorlig sykdom hos enkeltpersoner. Men med svært liten sannsynlighet for videre smitte, vil konsekvensen på befolkningsnivå være svært liten.</p> <p>***Kan reduseres til svært liten ved riktig bruk av personlig beskyttelsesutstyr etter særskilt smittevern faglig risikovurdering</p>							

4 Aktuelle tiltak og videre arbeid

Utbruddene forårsaket av A(H5N1)-viruset i Nord-Amerika fortsetter å utvikle seg, med økende smitte til fugl og til og mellompattedyr (melkekyr) og sporadisk smitte til mennesker. Selv om ingen HPAI H5-virus hittil har endret seg til å effektivt smitte til og mellom mennesker, utgjør den globale situasjonen en større og fortsatt økende risiko som krever kontinuerlig overvåking. I Norge er det fremdeles sporadiske påvisninger av HPAI-virus hos villfugl, fjørfe og pattedyr, og utbrudd blant fugl. Det arbeides kontinuerlig for å styrke beredskapen på dette feltet.

4.1 Overvåking på humansiden

FHI overvåker den epidemiologiske situasjonen med luftveisinfeksjoner nasjonalt og følger med og bidrar internasjonalt, inkludert overvåking av influensavirus og influensasykdom i Norge [39]. Overvåkingen dekker både primærhelsetjenesten, spesialisthelsetjenesten, intensivavdelinger og utbrudd i sykehjem. Forutsetningene for å kunne detektere uregelmessigheter i virusforekomst eller sykdom er derfor gode i Norge.

FHI har de siste årene hatt økt fokus på å sikre oppfølging av personer som eksponeres for syk fugl eller andre dyr, samt viktigheten av rask oppfølging og videre analyser ved eventuell prøvetaking. Referanselaboratoriet på FHI har tett dialog med det mikrobiologiske fagmiljøet. Ifølge en kartlegging referanselaboratoriet gjorde i 2023 kunne alle laboratoriene i Norge påvise den nyere kladen H5 2.3.4.4b. Referanselaboratoriet vil løpende vurdere risikosituasjonen i Europa og Norge og tilrettelegge for best mulig responsevne på laboratoriesiden dersom situasjonen skulle tilspisse seg.

FHI følger den internasjonale situasjonen nøye gjennom formelle varslingskanaler, internasjonale overvåkingssystemer, formelle og uformelle fagkanaler og medier. Veterinærinstituttet og Mattilsynet følger situasjonen på dyrehelsesiden. Deling av rettidig informasjon og god informasjonsflyt i offisielle internasjonale kanaler er sentralt for nasjonale og internasjonale helsemyndigheter og en forutsetning for å kunne overvåke situasjonen og sikre en koordinert respons dersom situasjonen skulle endre seg i negativ retning. USAs nye signaler om å trekke seg ut av Verdens helseorganisasjon (WHO) [40, 41] og straks-ordrer om å midlertidig stoppe og kontrollere offentlig kommunikasjon og deling av data/rapporter [42], begrenser dessverre mulighetene for internasjonalt samarbeid, rettidig og korrekt informasjonsflyt og muligheter for å følge med på og vurdere det globale situasjonsbildet.

4.2 Overvåking på dyresiden

Mattilsynet og Veterinærinstituttet overvåker smittesituasjonen hos dyr nasjonalt og internasjonalt, og deler informasjon med Folkehelseinstituttet fortløpende. I tillegg til Mattilsynet bidrar et stort antall aktører ute i felt til at det oppdages smitte hos fugler og dyr i Norge, og at prøver tas og sendes inn til Veterinærinstituttet for analyse. Informasjon om forekomsten av sykdommen og virusene hos dyr danner et viktig grunnlag for at Folkehelseinstituttet skal kunne vurdere risiko for smitte av mennesker.

Veterinærinstituttet er nasjonalt referanselaboratorium for fugleinfluensa (aviær influensa) og analyserer prøver fra fugler og andre dyr for influensavirus. Veterinærinstituttet helgenomsekvenserer HPAI-virus og deler sekvensinformasjon fortløpende. Veterinærinstituttet og Folkehelseinstituttet samarbeider om å se etter mutasjoner i virusene som kan tyde på

pattedyrtilpasning og økt zoonotisk risiko. Veterinærinstituttet har diagnostisk beredskap for å fange opp nye influensavirus hos dyr, inkludert introduksjoner fra andre kontinenter, og jobber med uttesting av laboratoriemetoder for å fange opp ev. smitte til melkekyr i Norge.

Mattilsynet har tett kontakt med den kommersielle fjørfeæringen. Mattilsynet oppfordrer jevnlig til økt årvåkenhet for fugleinfluenza og skjerpede biosikkerhetstiltak i kommersielle fjørfehold.

Mattilsynet informerer også hobbyfugleholdere jevnlig om å ha økt årvåkenhet for fugleinfluenza og skjerpede biosikkerhetstiltak, spesielt når risiko for fugleinfluenza hos ville fugler øker i forbindelse med vår- og høsttrekket. Videre har Mattilsynet beredskapsplaner for håndtering av utbrudd av fugleinfluenza hos tamme og ville fugler, og for eventuell påvisning av fugleinfluenza hos pattedyr. Bekjempelse av fugleinfluenza hos fugler er regulert av dyrehelsereguleringen, et regelverk som er felles for hele EU/EØS-området. Utbrudd av fugleinfluenza i kommersielle fjørfehold eller i hobbyfuglehold medfører umiddelbar avlving av alle fugler i dyreholdet og grundig sanering av bygninger og eventuelle uteområder som fuglene har oppholdt seg på.

4.3 Beredskapsarbeid

Den epidemiologiske situasjonen i USA og verden for øvrig er en påminnelse om behovet for god beredskap mot influensapandemi. Siden forrige risikovurdering har Folkehelseinstituttet fortsatt det målrettede arbeidet med å videreutvikle systemer for overvåking av smittsomme sykdommer og forbedre mikrobiologiske laboratorier på eventuelle zoonotiske prøver.

Folkehelseinstituttet har i 2024 og 2025 arrangert og deltatt på flere beredskapsøvelser som omhandler fugleinfluenza. Januar 2025 arrangerte instituttet en intern øvelse om påvisning av et nytt influensavirus med pandemisk potensiale (Øvelse Dagros), med samarbeidende etater og departement som bisittere på siste del av øvelsen. Det arbeides med å sørge for at læringspunkter fra øvelsene tas inn i relevant planverk. Flere av Folkehelseinstituttets beredskapsplaner er for tiden under revisjon. Det samme gjelder nasjonalt beredskapsplanverk, herunder nasjonal helseberedskapsplan og nasjonal pandemiplan.

Norge har avtaler med to produsenter for levering av vaksine mot et nytt pandemisk influensavirus (pandemivaksine). Det finnes også et nasjonalt beredskapslager med store mengder antivirale legemidler mot influensa.

4.4 Èn-helse samarbeid

Det er etablert et tett samarbeid mellom FHI, Veterinærinstituttet, Mattilsynet, Helsedirektoratet og nå også Direktoratet for medisinske produkter med en fast møttestruktur og en lav terskel for å ta kontakt med hverandre dersom situasjonen skulle kreve raske tiltak eller avklaringer. Dette samarbeidet vil videreføres og styrkes.

Det pågår også samarbeid mellom Veterinærinstituttet og FHI om integrert overvåking i et èn-helseperspektiv i det EU-finansierte prosjektet OH4Surveillance[43].

Det nordiske fagmiljøet både innen epidemiologi og virologi har korte kommunikasjonslinjer, og bidrar til å styrke èn-helse samarbeidet med våre naboland. FHI støtter seg også på det løpende èn-helsesamarbeidet mellom ECDC og EFSA, og trepartssamarbeidet mellom WHO, WOAH og FAO.

4.5 Rådgivning

FHI gir råd til befolkningen om fugleinfluensa, og er i tett dialog med kommuneleger for å gi råd ved utbrudd hos fugl eller påvisninger hos pattedyr der mennesker kan ha vært eksponert. Det er også publisert råd til reisende til områder med kjente utbrudd av fugleinfluensa, om å sette seg inn i lokale smittevernråd og unngå kontakt med dyr på gårder, markeder med levende dyr, og steder der dyr slaktes[44]. Referanselaboratoriet rådgir medisinsk-mikrobiologiske laboratorier angående teststrategier og gir metodeanbefalinger for zoonotisk influensa.

Et av de viktigste tiltakene fremover vil være å fortsette med å sikre økt årvåkenhet om fugleinfluensa i alle ledd. Folkehelseinstituttets målgruppe er helsetjenesten, kommuneoverleger og befolkningen for øvrig, og vi informerer blant annet om temaet i regelmessige møter med de medisinsk-mikrobiologiske laboratoriene og webinarserien rettet mot kommuneoverlegene. Vi deler også fortløpende informasjon i ulike fora gjennom møter, rapporter, nyhetssaker og gjennom media. Veterinærinstituttet og Mattilsynet arbeider med å øke årvåkenheten hos veterinærer, bønder, hobbyfjørerholdere og personer som arbeider med ville dyr. Alle tre etatene har tilgjengelig informasjon på sine nettsider som er skreddersydd sine målgrupper og oppdaterer disse fortløpende.

5 Referanser

1. USDA. *Confirmations of Highly Pathogenic Avian Influenza in Commercial and Backyard Flocks*. 2024; Available from: <https://www.aphis.usda.gov/livestock-poultry-disease/avian/avian-influenza/hpai-detections/commercial-backyard-flocks>.
2. Mostafa, A., et al. *Avian influenza A (H5N1) virus in dairy cattle: origin, evolution, and cross-species transmission*. *mBio* 2024 [cited 15 12]; e02542-24]. Available from: <https://journals.asm.org/doi/abs/10.1128/mbio.02542-24>.
3. USDA. *HPAI Confirmed Cases in Livestock*. 2025; Available from: <https://www.aphis.usda.gov/livestock-poultry-disease/avian/avian-influenza/hpai-detections/hpai-confirmed-cases-livestock>.
4. USDA. *APHIS National Milk Testing Strategy for H5 clade 2.3.4.4b in Dairy Cattle*. 2025; Available from: <https://www.aphis.usda.gov/sites/default/files/guidance-nmts.pdf>.
5. Guan, L., et al. *Cow's Milk Containing Avian Influenza A(H5N1) Virus — Heat Inactivation and Infectivity in Mice*. *New England Journal of Medicine* 2024 [cited 391 1]; 87-90]. Available from: <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMc2405495>.
6. Rosenke, K., et al. *Pathogenesis of bovine H5N1 clade 2.3.4.4b infection in Macaques*. *Nature* 2025 2025/01/15; Available from: <https://doi.org/10.1038/s41586-025-08609-8>.
7. Domańska-Blicharz, K., et al. *Outbreak of highly pathogenic avian influenza A(H5N1) clade 2.3.4.4b virus in cats, Poland, June to July 2023*. *Euro Surveill* 2023 Aug [cited 28 31]; Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37535474/>.
8. (SBCDPH), T.S.B.C.D.o.P.H. *H5N1 detected in cat after consuming recalled raw milk*. 2025; Available from: <https://main.sbcounty.gov/2025/01/15/h5n1-detected-in-cat-after-consuming-recalled-raw-milk/>.
9. Chothe, S.K., et al. *Marked neurotropism and potential adaptation of H5N1 clade 2.3.4.4.b virus in naturally infected domestic cats*. *Emerg Microbes Infect* 2025 Dec [cited 14 1]; 20241217:[2440498]. Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39648950/>.
10. FAO, W., WOA. *Updated joint FAO/WHO/WOAH public health assessment of recent influenza A(H5) virus events in animals and people*. 2024; Available from: [https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/human-animal-interface-risk-assessments/updated-joint-fao-who-woah-public-health-assessment-of-recent-influenza-a\(h5\)-virus-events-in-animals-and-people.pdf](https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/human-animal-interface-risk-assessments/updated-joint-fao-who-woah-public-health-assessment-of-recent-influenza-a(h5)-virus-events-in-animals-and-people.pdf).
11. CDC. *H5 Bird Flu: Current Situation*. 2025; Available from: <https://www.cdc.gov/bird-flu/situation-summary/index.html>.
12. WHO. *Cumulative number of confirmed human cases for avian influenza A(H5N1) reported to WHO, 2003-2024*. 2024; Available from: <https://cdn.who.int/media/docs/default-source/2021-dha-docs/cumulative->

- [number-of-confirmed-human-cases-for-avian-influenza-a\(h5n1\)-reported-to-who--2003-2024.pdf.](#)
13. GOV.UK. *Human case of avian flu detected in England*. 2025; Available from: <https://www.gov.uk/government/news/human-case-of-avian-flu-detected-in-england>.
 14. Garg, S., et al. *Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Virus Infections in Humans*. *New England Journal of Medicine* [cited 0 0]; Available from: <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMoa2414610>.
 15. CDC. *H5 Bird Flu Response: Focus Areas for Ongoing Public Health Risk Assessment*. 2025; Available from: https://www.cdc.gov/bird-flu/spotlights/h5n1-response-01142025.html#cdc_generic_section_2-disease-severity.
 16. Jassem, A.N., et al. *Critical Illness in an Adolescent with Influenza A(H5N1) Virus Infection*. *New England Journal of Medicine* [cited 0 0]; Available from: <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMc2415890>.
 17. Health, L.D.O. *LDH reports first U.S. H5N1-related human death*. 2025; Available from: <https://ldh.la.gov/news/H5N1-death>.
 18. Veterinærinstituttet. *Fugleinfluenza hos villfugl i Norge*. 2025; Available from: <https://www.vetinst.no/dyr/vilt/fugleinfluenza-i-norge>.
 19. Veterinærinstituttet. *Fugleinfluenza hos fjørfe i Norge*. 2024; Available from: <https://www.vetinst.no/dyr/fjorfe/hoypatogen-fugleinfluenza-h5-pavist-i-norsk-fjorfebesetning>.
 20. Veterinærinstituttet. *Oter har fått påvist høypatogen fugleinfluenza*. 2025; Available from: <https://www.vetinst.no/nyheter/oter-har-fatt-pavist-hogpatogen-fugleinfluenza>.
 21. Veterinærinstituttet. *Høypatogen fugleinfluenza påvist hos gaupe*. 2024; Available from: <https://www.vetinst.no/nyheter/hoypatogen-fugleinfluenza-pavist-hos-gaupe>.
 22. ECDC. *Avian influenza overview September-December 2024*. 2024; Available from: <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/avian-influenza-overview-september%E2%80%93december-2024.pdf>.
 23. Veterinærinstituttet. *Fugleinfluenza påvist hos døde måker i Nord-Troms*. 2024; Available from: <https://www.vetinst.no/nyheter/fugleinfluenza-pavist-hos-dode-maker-i-nord-troms>.
 24. EFSA, E. *Preparedness, prevention and control related to zoonotic avian influenza*. 2025; Available from: <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/Preparedness-prevention-and-control-related-to-zoonotic-avian-nfluenza.PDF>.
 25. Yu, Y., et al. *Newly Emergent Highly Pathogenic H5N9 Subtype Avian Influenza A Virus*. *J Virol* 2015 Sep [cited 89 17]; 20150617:[8806-15]. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC4524050/>.
 26. Vidhi Dholakia, J.L.Q., Samuel Richardson, Nunticha Pankaew, Maryn D. Brown, Jiayun Yang, Fernando Capelastegui, Tereza Masonou, Katie-Marie Case, Jila Aejian, Ecco Staller, Carol M. Sheppard, Ian H. Brown, Claire M. Smith, Munir

- Iqbal, Paul Digard, Wendy S. Barclay, Rute M. Pinto, Thomas P. Peacock, Daniel H. Goldhill. *Polymerase mutations underlie early adaptation of H5N1 influenza virus to dairy cattle and other mammals*. 2025; Available from: <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2025.01.06.631435v1>.
27. Nextstrain. *Full genome analysis of the ongoing influenza A/H5N1 cattle outbreak in North America*. 2025; Available from: <https://nextstrain.org/avian-flu/h5n1-cattle-outbreak/genome?branchLabel=aa&d=tree&m=div&p=full>.
 28. USDA. *Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1 Genotype B3.13 in Dairy Cattle*. 2024; Available from: <https://www.aphis.usda.gov/sites/default/files/hpai-dairy-national-epi-brief.pdf>.
 29. Burrough, E., et al. *Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Clade 2.3.4.4b Virus Infection in Domestic Dairy Cattle and Cats, United States, 2024*. *Emerging Infectious Disease journal* 2024 [cited 30 7]; Available from: https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/30/7/24-0508_article.
 30. Joanna A. Pulit-Penalzoa¹, J.A.B., Nicole Brock, Troy J. Kieran, Xiangjie Sun, Claudia Pappas, Hui Zeng, Paul Carney, Jessie Chang, Brandon Bradley-Ferrell, James Stevens, Juan A. De La Cruz, Yasuko Hatta, Han Di, C. Todd Davis, Terrence M. Tumpey & Taronna R. Maines. *Transmission of a human isolate of clade 2.3.4.4b A(H5N1) virus in ferrets*. 2024; Available from: https://www.nature.com/articles/s41586-024-08246-7.epdf?sharing_token=OaVzOtNSisb-HpBAKT_549RgN0jAjWel9jnR3ZoTv0N32Hozas4H6-hck-j6Xf6ro1eBPZ5E5rtwEAR563VCGP6NAqdb7qsB1uKeCSMla1iDUme4vk-6D9dcPWogTZXBSP6s44yF47V0tgvWfdeptfx4s-wJdxwJtg2U1BHyKA%3D.
 31. Nico Joel Halwe, K.C., Angele Breithaupt, Jacob Schön, Jessie D. Trujillo, Mohammed Nooruzzaman, Taeyong Kwon, Ann Kathrin Ahrens, Tobias Britzke, Chester D. McDowell, Ronja Piesche, Gagandeep Singh, Vinicius Pinho dos Reis, Sujana Kafle, Anne Pohlmann, Natasha N. Gaudreault, Björn Corleis, Franco Matias Ferreyra, Mariano Carossino, Udeni B. R. Balasuriya, Lisa Hensley, Igor Morozov, Lina M. Covalada, Diego G. Diel, Lorenz Ulrich, Donata Hoffmann, Martin Beer & Juergen A. Richt. *H5N1 clade 2.3.4.4b dynamics in experimentally infected calves and cows*. 2024; Available from: <https://www.nature.com/articles/s41586-024-08063-y>.
 32. FAO/WHO/WOAH. *Joint FAO/WHO/WOAH preliminary assessment of recent influenza A(H5N1) viruses*. 2024; Available from: https://cdn.who.int/media/docs/default-source/global-influenza-programme/2024_04_23_fao-woah-who_h5n1_assessment.pdf?sfvrsn=3ca3dba6_2&download=true.
 33. Flagg, M., et al. *Comparison of Contemporary and Historic Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Virus Replication in Human Lung Organoids*. *Emerg Infect Dis* 2024 Jan 8 [cited 31 2]; 20240108; Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39778080/>.

34. CDC. *CDC A(H5N1) Bird Flu Response Update November 18, 2024*. 2024; Available from: <https://www.cdc.gov/bird-flu/spotlights/h5n1-response-11152024.html>.
35. CDC. *Genetic Sequences of Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Viruses Identified in a Person in Louisiana*. 2024; Available from: <https://www.cdc.gov/bird-flu/spotlights/h5n1-response-12232024.html>.
36. USDA. *The Occurrence of Another Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) Spillover from Wild Birds into Dairy Cattle*. 2024; Available from: <https://www.aphis.usda.gov/sites/default/files/dairy-cattle-hpai-tech-brief.pdf>.
37. USDA. *Animal and Plant Health Inspection Service Shares Update on H5N1 Detection in Oregon Swine, Bovine Vaccine Candidate Progression*. 2024; Available from: <https://www.aphis.usda.gov/news/agency-announcements/usda-animal-plant-health-inspection-service-shares-update-h5n1-detection>.
38. Erdelyan, C.N.G., et al. *Multiple transatlantic incursions of highly pathogenic avian influenza clade 2.3.4.4b A(H5N5) virus into North America and spillover to mammals*. *Cell Rep* 2024 Jul 23 [cited 43 7]; 20240713:[114479]. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2211124724008088>.
39. FHI. *Overvåkingssystemet for influensa*. 2023; Available from: <https://www.fhi.no/ss/influensa/sesonginfluensa/overvakingssystemet-for-influensa/>.
40. WH.GOV. *WITHDRAWING THE UNITED STATES FROM THE WORLD HEALTH ORGANIZATION*. 2025; Available from: <https://www.whitehouse.gov/presidential-actions/2025/01/withdrawing-the-united-states-from-the-worldhealth-organization/>.
41. WHO. *WHO comments on United States' announcement of intent to withdraw*. 2025; Available from: <https://www.who.int/news/item/21-01-2025-who-comments-on-united-states--announcement-of-intent-to-withdraw>.
42. USA, D.O.H.H.S. *Immediate Pause on Issuing Documents and Public Communications*. 2025; Available from: <https://www.science.org/doi/10.1126/science.z7pm10i/full/actinghhssecretarymemoaction2212025-1737591296147.pdf>.
43. NIPH. *OH4Surveillance (OH4S) - Setting up a coordinated surveillance under the One Health approach*. 2024; Available from: <https://www.fhi.no/en/cristin-projects/ongoing/oh4surveillance-oh4s---setting-up-a-coordinated-surveillance-under-the-one-health-approach/>.
44. FHI. *Viktige råd for god reise*. 2025; Available from: <https://www.fhi.no/sm/smittevernrad-ved-reiser/viktige-rad-for-god-reise/#dyr>.

Utgitt av Folkehelseinstituttet
Februar 2025
Postboks 222 Skøyen
NO-0213 Oslo
Telefon: 21 07 70 00

Rapporten kan lastes ned gratis fra www.fhi.no