

Influenzavirus i ville fugler i Norge

Av Anna Germundsson, Veterinærinstituttet og Kristian Hoel, Animalia

Siden 2005 har det vært sterkt fokus på fugleinfluenza. Hittil har Norge vært fri for utbrudd med høypatogent fugleinfluenzavirus selv om enkelttilfeller har blitt påvist i våre naboland. Ulike lavpatogene influensavirus er imidlertid vidt utbredt blant ville fugler i Norge. Et pågående forskningsprosjekt tar sikte på å kartlegge betydningen av slike virus.

En studie av influensavirus i ville fugler i Norge

Fugleinfluenza er naturlig forekommende i ville fugler over hele verden, spesielt i ender og måker. Det er de lavpatogene (lite sykdomsframkallende) influensavirus som dominerer og det observeres sjelden sykdom i forbindelse med en slik infeksjon.

Influenza A

Fugleinfluenza forårsakes av influensa A-virus i familien *Orthomyxoviridae*. Influenza A-virus deles inn i subtyper basert på forekomst av proteinene hemagglutinin (H) och neuraminidase (N) på virusets overflate. Hittill er 16 ulike H-typer (H1-H16) og ni ulike N-typer (N1-N9) beskrevet. Influenzavirus har et segmentert arvemateriale, RNA, som består av åtte RNA-segmenter. RNA-segmentene for H- og N-proteinene kan kombineres på ulike måter, på samme måte som de øvrige segmentene noe som gir en uendelig variasjon av nye virus med ulike egenskaper. Man vet lite om hvordan de ulike segmentene kan kombineres. På grunn av den verdensomspennende influensaepidemien med høypatogent aviær influensavirus (HPAI) H5N1 blant fugl i 2005-2006, har det siden vært sterkt fokus på ville fugler som reservoar. I tillegg til H5 kan også høypatogene virus være av subtypen H7. Virus av typene H5 og H7 kan også forkomme som lavpatogene varianter. Lavpatogene fugleinfluenzavirus av subtypene H5 og H7 som introduseres i en fjørfebesetning kan imidlertid etter en tid mutere og bli høypatogene. Alle øvrige subtyper forårsaker lavpatogen aviær influensa (LPAI).

Overvåking

Lenge trodde man at HPAI formerte seg dårlig i ville fugler. Våren 2005 ble denne oppfatningen endret da mer enn 6000 ville fugler døde ved Qinghai-sjøen i Kina. I tillegg ble det påvist smittespredning blant migrerende gjess noe som vekket mistanken om at HPAI kunne spres over lange avstander med ville fugler. Siden 2003 har EUs medlemsland overvåket fugleinfluenza hos tamme og ville fugler. I 2005 startet Norge et lignende program og i løpet av 3 år er 3144 prøver fra ender, gjess og måker blitt undersøkt. Av de undersøkte fuglene er 342 infisert med LPAI, derav 25 med subtype H5. Ved å undersøke de influensavirus som forkommer hos ville fugler kan kunnskapen om influensavirus økes generelt.

Forskningsprosjekt

I 2007 startet et forskningsprosjekt ved Veterinærinstituttet og Norges veterinærhøgskole, finansiert av Norges forskningsråd og Animalia. Målet med prosjektet er å studere forekomsten av influensa A virus i ville fugler i Norge for bedre å kunne forstå virusets økologi og spredningsmønster. Prøvematerialet i forskningsprosjektet er de prøvene som er innsendt i overvåkningsprogrammet. Prosjektet skal gjennom molekylære undersøkelser studere om alle delene i arvestoffet kan kombineres fritt eller om det er begrensninger for antallet kombinasjoner. Om det begrensninger vil det være av stor betydning i det videre arbeid med fugleinfluenza å forstå hvorfor.

Slektskap mellom influensavirus

Norge ligger langs den Øst-Atlantiske ruten for trekkfugler. Den langa kysten er viktig som hekkeplass, som rasteplass under trekket samt som oppholdsplass for fugler som blir i Norge om vinteren. Influenza replikerer i hovedsak i unge fugler når de samles ved rasteplassene om høsten før trekket. I tillegg er det relativt kalde klimaet i Norge positivt for overlevelsen av virus. Den Øst-Atlantiske ruten overlapper alle viktige trekkruer, noe som gjør at den genetiske variasjonen hos fugleinfluenzavirus kan være stor. I prosjektet vil de åtte segmentene hos ulike subtyper av influensa, innsamlet i Norge 2006 og 2007, bli sekvensert og slektstrær for de ulike segmentene vil bli tegnet. Målet er å studere om alle subtyper stammer fra den Øst-Atlantiske ruten eller om det finnes influensavirus i Norge som er mer beslektet med de amerikanske typene.

Kunnskap er makt

Tilegner vi oss kunnskap om utviklingen av naturlige og lite sykdomsframkallende influensavirusinfeksjoner hos fugler, vil vi samtidig få informasjon om hvordan de høypatogene sprer seg. I en situasjon der man står overfor en trussel om en fugleinfluenzaepidemi hos menneske vil slik kunnskap være svært viktig. Animalia mener derfor at det er av stor betydning å støtte grunnforskning på dette området. De siste dagers influensamistanker på tamgjess i Sverige er et apropos om at faren på langt nær er over.