



Erika Lindh
FT (lääketieteellinen virologia),
Public Health PG Dipl,
erikoistutkija
Väestö-osasto,
Terveystieteiden ja hyvinvoinnin laitos

Lintuinfluenssavirukset ja pandeemisen influenssan uhka

Säännöllisin väliajoin ihmiskuntaa koettelevat influenssapandemiat ovat saaneet alkunsa lintuinfluenssaviruksista suoraan tai väli-isäntien kautta. Viime vuosina H5N1-lintuinfluenssavirus on herättänyt paljon huolta aiheutettuaan laajoja siipikarjataudinpurkauksia Keski-Euroopassa, Pohjois-Amerikassa ja Kaakkois-Aasiassa, sekä aiempaa enemmän epätavallisia tartuntoja eläimissä ja ihmisissä. Vaikka lintuinfluenssavirusten kyky tartuttaa ihmisiä on pääsääntöisesti heikko, voi tilanne muuttua nopeasti viruksen arvaamattoman luonteen takia. Alueilla, joilla lintuinfluenssavirukset aiheuttavat taudinpurkauksia tarhatuissa ja luonnonvaraisissa eläimissä, on lääkärin hyvä pitää mielessä zoonoottisen tartunnan mahdollisuus etiologialtaan epäselvien sidekalvotulehdusten ja vakavien hengitystieinfektioiden aiheuttajana.

Tausta

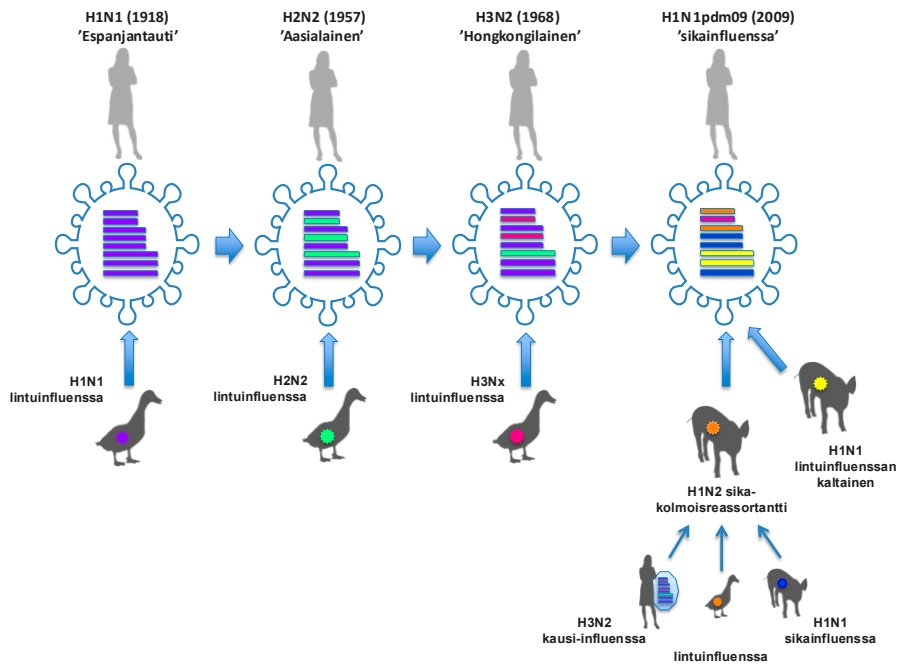
Influenssa A -viruksen aiheuttamat pandemiat ovat koetelleet maailman väestöä satojen vuosien ajan (1). Pandeemiset influenssat sopeutuvat vähitellen väestöön ja sen kasvavaan immuniteettiin ja jäävät kiertämään kausi-influenssina. Influenssa A -viruksiin kuuluu paitsi ihmisen kausi-influenssaa aiheuttavat alatyypit (H3N2 ja H1N1pdm09) myös nisäkkäisiin vakiintuneita alatyyppejä, kuten sikainfluenssat. Valtaosa influenssa A -viruksista on kuitenkin lintuinfluenssaviruksia, joita on tunnistettu lukuisia erilaisia alatyyppejä (H1-16, N1-9). Lintuinfluenssavirukset kiertävät maailmanlaajuisesti luonnonvaraisissa linnuissa. Niiden esiintyvyys linnuissa vaihtelee vuodenajasta ja lintulajista riippuen (2); Suomessa esiintyvyys vesilinnuissa on syysmuuton aikaan noin 10 %.

Lintuinfluenssaviruksia läikkyä ajoittain luonnonvaraisista linnuista siipikarjaan ja harvemmin myös nisäkkäisiin. Kausi-influenssat ja nisäkkäiden alatyypit ovat alkuaan lintuinfluenssaviruksia, sillä tartunnat epätavallisuudessa isännissä voivat johtaa viruksen

sopeutumisen myötä vakiintumiseen uuteen isäntälajiin. Tästä viimeisimpänä esimerkkinä vuonna 2023 USA:ssa lajisiirtymän tehnyt H5N1 -virus, joka jäi yksittäisen tartunnan seurauksena kiertämään maan nautakarjaan.

Lukuisat lintuinfluenssa-alatyypit ovat aiheuttaneet yksittäisiä tartuntoja ihmisissä. Eniten tapauksia edellisen neljän vuoden aikana ovat aiheuttaneet H5N1, H5N6 ja H9N2 -alatyypit. Korkeapatogeeninen H5N1 lintuinfluenssavirus havaittiin ensimmäisen kerran 1996 Kiinassa ja ensimmäiset tapaukset ihmisissä vuotta myöhemmin Hong Kongissa, jolloin kuusi tapauksia kahdeksastatoista menehtyi. Vuosien saatossa virus on kehittynyt useaksi linjaksi, levinnyt luonnonvaraisiin ja tarhattuihin lintupopulaatioihin kautta maailman, aiheuttanut taloudellisesti merkittäviä taudinpurkauksia siipikarjassa ja zoonoottisia infektiota ihmisissä. Viruksesta on hiljattain tullut endeeminen myös Euroopan ja Pohjois-Amerikan linnuissa ja se on levinnyt Yhdysvaltojen lypsikarjaan (3).

Kuva 1.



Suomessa H5N1 influenssavirus levisi vuonna 2023 turkistarhoille (4) johtaen n. 500 000 turkiseläimen hävittämiseen 71 turkistarhalla. Huomattava osa eläimistä sairasti rajun taudin, jolle tunnusomaista oli neurologiset oireet ja korkea kuolleisuus. Taudinpurkauksen aikana tunnistettiin lähes 500 turkistarhaajien ja heidän perhepiirinsä, eläinlääkäreiden, eläinten hävittämiseen osallistuneiden ja laboratoriotyöntekijöiden altistumistapahtumaa. Laajasta altistumisesta huolimatta tartuntoja ei onneksi havaittu ihmisissä.

Tällä hetkellä H5N1 lintuinfluenssatilanne on muuttunut vaikeaksi Keski-Euroopassa, jossa luonnonvaraisten lintujen kuolemat ja siipikarjan taudinpurkauksien määrä ovat kasvaneet syksystä 2024 lähtien (3).

Lintujen kevätkuolon myötä virusaktiivisuuden odotetaan kasvavan myös Suomen luonnonvaraisissa linnuissa ja tautiriskin tuotantoeläimillä. Ihmisten altistumiset

virukselle ovat mahdollisia paitsi tartunnan saaneiden lintujen ja tuotantoeläinten, myös näille altistuneiden villieläinten ja lemmikkien kautta.

Pandeemisten influenssavirusten kehittyminen eläinviruksista

Lintuinfluenssaviruksia pidetään hyvin todennäköisinä tulevana pandemianaiheuttajina, sillä ne ovat suoraan tai väli-isäntänä toimineen sian kautta aiheuttaneet pandemioita 10–60 vuoden välein (kuva)

(1). Muuttuakseen pandeemiseksi influenssaksi, on viruksen täytettävä kolme kriteeriä: sillä on oltava hemagglutiniini pintaproteiini, jolle maailman väestö on immunologisesti naiivi; sen on aiheutettava tautia ihmisessä; ja sen on kyettävä tartuttamaan tehokkaasti ihmisten välillä (5). H5N1 virus täyttää kriteereistä ensimmäisen, sillä väestöissä aiemmin kiertäneiden in-

fluenssavirusten infektiosta muodostunut immunitetti tuo korkeintaan vähäistä suojaa H5N1 -viruksen tartunnoilta. Viruksen kyky aiheuttaa ylähengitystieinfektioita ihmisissä on useiden tekijöiden takia kuitenkin heikko, eikä virus vielä kykene aiheuttamaan jatkuvia tartuntaketjuja väestössä (6).

Influenssa A -viruksen hemagglutiniini on viruksen tärkein tartunta- ja taudinaiheuttamiskykyä säätelevä tekijä, joka määrittää viruksen isäntäkirjon ja kudoshakuisuuden. Toisin kuin kausi-influenssavirukset, lintuinfluenssavirukset sitoutuvat heikosti ylähengitysteiden soluihin. Toisaalta tartuntareittinä voi toimia silmän sidekalvo tai alahengitystiet, joiden solut ilmentävät lintuinfluenssavirusten suosimaa reseptorityyppiä (6).

Vaikka influenssa A -viruksen isäntäkirjo on pääsääntöisesti hyvin kapea, mahdollistaa viruksen nopea muuntautumiskyky lajisiirtymät. Yksittäiset mutaatiot kriittisissä kohdissa voivat oleellisesti vaikuttaa viruksen kudoshakuisuuteen ja kykyyn kiertää immunitettia. Näin esimerkiksi kausi-influenssavirukset väistävät väestön syntynyttä immunitettia. Influenssa A -viruksilla on myös kyky vaihtaa perimäainesta ns. reassortaation avulla, kahden eri viruksen infektoidessa solu samanaikaisesti. Eri alkuperää olevien influenssavirusten välinen reassortaatio onkin viimeisen vuosisadan aikana tuottanut useita pandeemisia influenssaviruksia, esimerkkinä alkujaan sikainfluenssavirusena tunnettu H1N1pdm09 virus (kuva). Sian lisäksi minkkieläimet voivat toimia viruksen reassortaatioalustoina (5).

H5-alatyypin lintuinfluenssatartunnat ihmisellä

Vuoden 2024 loppuun mennessä H5N1-virus on aiheuttanut lähes tuhat tunnistettua tautitapausta ihmisessä. Kahden

viimeisen vuoden aikana H5-alatyypin virusten aiheuttamia tartuntoja on todettu kahdeksasta maasta neljällä mantereella, eniten Kambodžassa (16 tapausta) ja Yhdysvalloissa (67 tapausta) (7). Tapausmäärät korreloivat eläimissä todettujen taudinpurkausten kanssa, jolloin ihmisten altistumisia on enemmän ja seuranta on tehostettua.

Merkittävin tunnistettu riskitekijä tartunnoille on sairaille eläimille altistuminen, erityisesti siipikarjalle. Yhdysvalloissa, jossa H5N1 virus on lyhyessä ajassa levinnyt yli tuhannelle lypsykarjatilalle, valtaosa tartunnan saaneista ihmisistä on altistunut virukselle lypsykarjan tai raakamaidon kautta. Huolestuttavaa on, että kolmella tapauksista ei tunnistettu altistumista eläimille ja tartuntalähde jäi epäselväksi (8). Tartunnan lähde jäi epäselväksi myös Kanadan tapauksessa, jossa nuori potilas sairastui vakavaan tehohoitoa vaativaan tautiin (9).

Lintuinfluenssavirusinfektiot voivat aiheuttaa oireettomia tai lieviä kuumeisia tai kuumeettomia hengitystieinfektioita tai silmän sidekalvotulehduksia. Esimerkiksi Yhdysvalloissa, lypsykarjan tai raakamaidon kautta tartunnan saaneet henkilöt ovat pääsääntöisesti sairastaneet lievän taudin, joissa yleisin oire on ollut sidekalvotulehdus. Taudinkuva voi myös olla hyvin vakava, jolloin tauti etenee nopeasti vaikeaan keuhkokuumeeseen, äkilliseen hengityksen vajaatoimintaan (ARDS), sepsikseen ja monielinvaurioihin. Taudinkuvaan voi kuulua myös etiologialtaan epäselviä neurologisia oireita, kuten epätavallinen äkillisesti alkanut päänsärky, niskajäykkyys, sekavuus, hämartyntä tajunta tai halvausoireet. Tunnetuista H5N1 tapauksista noin puolet on ollut vakavia, tehohoitoa vaativia tai kuolemaan johtaneita

infektioita. On todennäköistä, että valtaosa lievista tapauksista jää havaitsematta. Vakavissa tapauksissa korostuvat nuoret ikäryhmät sekä perussairauksia sairastavat henkilöt. Viruslääkitys (kuten neuraminidaasi-inhibiittori oseltamivir) parantaa taudin ennustetta, erityisesti hoidon alettua 48 tunnin kuluessa oireiden alkamisesta (10).

Varautuminen alati muuttuvaan lintuinfluenssatilanteeseen

Pandeemisen influenssaviruksen kehittymisen kannalta erityisesti huolta herättää eläin-ihmisrajojen kasvaminen, jolloin virukselle syntyy yhä enenevästi tilaisuuksia tartuttaa ihmisiä. Mitä enemmän taudinpurkauksia tapahtuu eläinpopulaatioissa, erityisesti tuotantoeläimissä, sen suuremmalla todennäköisyydellä tartuntoja ilmenee ennemmin tai myöhemmin myös ihmisillä. Ihmisten tartuntariskiä pyritään ensisijaisesti vähentämään parantamalla tautisuoja tuotantoeläintiloilla,

määräämällä vuosittainen siipikarjan ulkonapitokiello lintujen kevätmuuton aikaan ja parantamalla työntekijöiden työturvallisuutta tarvittavilla hygieniaohteilla. Vuoden 2023 H5N1 turkistarhataudinpurkauksen

hallinnassa tunnistettujen haasteiden sekä lintuinfluenssavirustilanteen maailmanlaajuisesti huolestuttavan kehityksen myötä, Suomessa on päädytty suosittelemaan H5-zoonoosirotkotetta (Seqirus) lisäsuojaksi henkilöille, joiden riski altistua virukselle työssään on muuta väestö suu-

rempi. Rokotteen kohderyhmiä on erityisesti luonnonvaraisten lintujen, siipikarjan ja turkiseläinten kanssa työnsä puolesta kosketuksissa olevat ammattiryhmät.

Aikoina, jolloin lintuinfluenssavirukset aiheuttavat laajoja taudinpurkauksia tarhatussa ja luonnonvaraisissa eläimissä lähialueilla, lääkärin on hyvä pitää mielessä zoonoottisten tartuntojen mahdollisuus etiologialtaan epäselvien sidekalvotulehdusten ja vakavien hengitystieinfektioiden aiheuttajana. Oirekuvaan ja altistumistietoon perustuvan lintuinfluenssaepäilyjen varalta THL on laatinut toimenpideohjeen terveydenhuollolle.

Valmiutta tunnistaa epätyypillisiä (IAV) Influenssa A -tartuntoja tehostetaan tarpeen mukaan tutkimalla terveydenhuollossa todettujen influenssa A PCR-positiivisten näytteiden alatyypit. THL:ssä toimii WHO:n nimeämä kansallinen influenssakeskus (NIC), joka seuraa laboratorio- ja rekisteripohjaisesti väestössä kiertäviä influenssa-alatyyppejä ja niiden geneettistä muuntumista ja varmistaa kansallisen kyvyn tunnistaa muuntuneita ja poikkeava-



Valokuva: Eero Antturi

” Tällä hetkellä H5N1 lintuinfluenssatilanne on muuttunut vaikeaksi Keski-Euroopassa.

via influenssaviruksia. Huolestuttavana esimerkkinä Kanadan H5N1 -potilastapaus, jonka virusnäytteiden geneettiset analyysit viittaavat viruksen muuntuneen infektion edetessä (9).

Euroopan tautien ehkäisy- ja -valvontakeskuksen (ECDC) tämänhetkisen riskinarvion mukaan EU/EEA alueella riski saada H5N1-tartunta on pieni väestölle ja hieman kohonnut väestöryhmillä, jotka ammattinsa takia tai muusta syystä ovat tekemisissä tartunnan saaneiden eläimien kanssa (3). Taudinpurkaukset Suomen turkistarhoilla osoittivat, miten nopeasti tautitilanne voi muuttua ja altistaa väestön uusille mikrobiuhkille. Tapahtuman koskettaessa sekä eläimiä että ihmisiä, vaati tartuntojen torjuminen One health -konseptin mukaisesti tiivistä yhteistyötä eläin- ja ihmisterveydestä vastaavien viranomaisten ja muiden toimijoiden välillä (4). EU:n yhteinen valmiusmekanismi HERA (Health Emergency Preparedness and Response) luotiin koronapandemian aikana vahvistamaan alueen kykyä ennaltaehkäistä ja toimia rajat ylittävien terveysuhkien realisoiduttua. Osana HERA:n toimintaa on lääketieteellisten vastatoimen, kuten rokotteiden, antiviraalien ja antibioottien, henkilösuojainten ja diagnostisten testien saatavuuden varmistaminen jäsenmaille. Vaikka tulevien pandemioiden ennustettavuus on edelleen vaikeaa, on yhteiskuntamme kyky tunnistaa niitä varhain ja mahdollisuudet minimoida niiden terveysvaikutuksia aiempaa parempi.

Lisätietoja aiheesta:

THL: Toimenpideohje ihmisen lintuinfluenssa-tartuntojen torjumiseksi <https://thl.fi/aiheet/infektiaudit-ja-rokotukset/audit-ja-torjunta/audit-ja-taudinaiheuttajat-a-o/lintuinfluenssa/toimenpideohje-ihmisen-lintuinfluenssa-tartuntojen-torjumiseksi#viruslaakitys-hoito-ja-profylaksia>

THL: Tietoa lintuinfluenssarokotteesta: <https://thl.fi/aiheet/infektiaudit-ja-rokotukset/rokotteet-a-o/lintuinfluenssarokote>

Kirjallisuutta

1. Linnanmäki E. Historian influenssapandemiat. *Duodecim* 2006;122(16):2023–31. <https://www.duodecimlehti.fi/duo95933>
2. Olsen B., Munster V., Wallensten A., Waldenstrom J., Osterhaus A., Fouchier R. A. M., Global patterns of influenza A virus in wild birds. *Science* 312, 384–388 (2006). DOI:10.1126/science.1122438
3. EFSA (European Food Safety Authority), ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control), EURL (European Union Reference Laboratory for Avian Influenza), Alexakis L, Buczkowski H, Ducatez M, Fusaro A, Gonzales JL, Kuiken T, Ståhl K, Staubach C, Svartström O, Terregino C, Willgert K, Melo M and Kohnle L, 2025. Scientific report: Avian influenza overview September–December 2024. *EFSA Journal* 2025; 23(1):9204, 64 pp. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2025.9204>
4. Lindh E, Lounela H, Ikonen N, Kantala T, Savolainen-Kopra C, Kauppinen A, Österlund P, Kareinen L, Katz A, Nokireki T, Jalava J, London L, Pitkäpaasi M, Vuolle J, Punto-Luoma AL, Kaarto R, Voutilainen L, Holopainen R, Kalin-Mänttari L, Laaksonen T, Kiviranta H, Pennanen A, Helve O, Laamanen I, Melin M, Tammiranta N, Rimhanen-Finne R, Gadd T, Salminen M. 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 Aug;28(31):2300400. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2023.28.31.2300400.
5. Gilbertson B., Subbarao K. Mammalian infections with highly pathogenic avian influenza viruses renew concerns of pandemic potential. *J Exp Med.* 2023 Aug 7;220(8):e20230447. doi: 10.1084/jem.20230447.
6. Long JS, Mistry B, Haslam SM, Barclay WS. Host and viral determinants of influenza A virus species specificity. *Nat Rev Microbiol.* 2019 Jan;17(2):67–81. doi: 10.1038/s41579-018-0115-z. Erratum in: *Nat Rev Microbiol.* 2019 Jan;17(2):124. doi: 10.1038/s41579-018-0140-y. PMID: 30487536.
7. WHO. Cumulative number of confirmed human cases for avian influenza A(H5N1) reported to WHO, 2003–2024, 12 December 2024. Päivitetty 12.12.2024. [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?sfvrsn=6be054e0_1&download=true](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?sfvrsn=6be054e0_1&download=true).
8. CDC. H5 Bird Flu: Current Situation. Päivitetty 28.1.2025. <https://www.cdc.gov/bird-flu/situation-summary/index.html>
9. Jassem AN, Roberts A, Tyson J, Zlosnik JEA, Russell SL, Caleta JM, Eckbo EJ, Gao R, Chestley T, Grant J, Uyeki TM, Prystajeczek NA, Himsworth CG, MacBain E, Ranadheera C, Li L, Hoang LMN, Bastien N, Goldfarb DM. Critical Illness in an Adolescent with Influenza A(H5N1) Virus Infection. *N Engl J Med.* 2024 Dec 31. doi: 10.1056/NEJMc2415890.
10. WHO. Guidelines for the clinical management of severe illness from influenza virus infections. 2022. Päivitetty 1.1.2022. <https://www.who.int/publications/i/item/9789240040816>