Agrar- und Veterinär-Akademie

Aktualisierung, Stand: 01. November 2026

Shamonda-Virus 2026:

In Deutschland zirkulieren inzwischen zwei Virusvarianten

Aus einem zunächst unbekannten „Shamonda-like-Virus“ wird ein zunehmend komplexes epidemiologisches Geschehen

*Von **EG Hellwig**, Fachtierarzt und Agrarwissenschaftler, Agrar- und Veterinär-Akademie (AVA)*

Das Wichtigste in Kürze

In Deutschland zirkulieren inzwischen zwei genetisch unterschiedliche Shamonda-Virus-Varianten: SHAV-EU1 und SHAV-EU2. Das Friedrich-Loeffler-Institut geht von zwei unabhängigen Einschleppungs- und Ausbreitungsereignissen aus.

Für die Rinderpraxis sind derzeit vor allem fünf Punkte wichtig:

- **Klinik:** Bei adulten Rindern stehen Fieber, Durchfall und teils deutlicher Milchleistungsrückgang im Vordergrund. Die akute Erkrankung verläuft häufig mild und vorübergehend.
- **Trächtigkeit:** Von besonderer Bedeutung sind mögliche transplazentare Infektionen mit Aborten, Totgeburten und kongenitalen Fehlbildungen. Entsprechende Fälle sollten konsequent diagnostisch abgeklärt werden.
- **Diagnostik:** Bei akut erkrankten Tieren ist die RT-PCR aus EDTA-Blut bzw. Serum entscheidend; bei Aborten oder missgebildeten Kälbern sind insbesondere fetale Organ- und Gehirnproben wichtig.
- **Differenzialdiagnosen:** Schmallenberg-Virus und Blauzungenvirus müssen klinisch und labordiagnostisch mitbedacht werden.
- **Offene Fragen:** Noch ungeklärt sind unter anderem Kreuzimmunität zwischen SHAV-EU1 und SHAV-EU2, genaue Verbreitung, Wirtsspektrum und mögliche Reassortment-Ereignisse mit anderen Simbu-Orthobunyaviren.

Praxisbotschaft:

SHAV gehört 2026 in die differenzialdiagnostischen Überlegungen des Rindertierarztes – insbesondere bei akutem Fieber mit Milchrückgang sowie bei Aborten, Totgeburten und Missbildungen.

Epidemiologische Entwicklung

Das Shamonda-Virus (SHAV) hat sich seit den ersten europäischen Nachweisen im Sommer 2026 erheblich ausgebreitet. Nach einer Anfang Oktober veröffentlichten Einschätzung des Friedrich-Loeffler-Instituts (FLI) könnten bereits Tausende Rinderbetriebe in Deutschland betroffen sein. Aufgrund klinisch unauffälliger Infektionen und begrenzter diagnostischer Erfassung dürfte die Zahl tatsächlich infizierter Bestände über der Zahl bestätigter Nachweise liegen.

In Deutschland zirkulieren zwei genetisch unterschiedliche Varianten, SHAV-EU1 und SHAV-EU2. Das FLI geht von unabhängigen Einschleppungs- und Ausbreitungsereignissen aus. Nachweise liegen inzwischen auch aus mehreren weiteren europäischen Ländern vor. Anfang Oktober wurden zudem erste SHAV-positive Rinderbestände in Irland gemeldet.

Neue Erkenntnisse zum Abortgeschehen

Von besonderer Bedeutung sind Virusnachweise bei abortierten Rinderfeten in Rheinland-Pfalz und der Schweiz. Aus den Niederlanden wurde zudem ein SHAV-Nachweis bei einem missgebildeten Kalb berichtet.

Diese Befunde stützen die Annahme, dass eine fetale Infektion möglich ist. Sie erlauben jedoch noch keine abschließende Aussage darüber, ob SHAV die beobachteten Aborte oder Fehlbildungen tatsächlich verursacht hat.

Auch indirekte Auswirkungen einer hochfieberhaften Erkrankung des Muttertieres müssen bei der ätiologischen Bewertung berücksichtigt werden.

NEU: 01.11.2026 – Shamonda-Virus erstmals in Tschechien nachgewiesen

Die tschechische Veterinärverwaltung meldete am 23. Oktober 2026 den ersten bestätigten Shamonda-Virus-Nachweis in Tschechien. Das Virus wurde bei einem abortierten Rinderfetus aus einem Betrieb im Bezirk Tábor nachgewiesen. Der Befund ergänzt die bisherigen Nachweise bei abortierten Rinderfeten aus Rheinland-Pfalz und der Schweiz. Tiermedizinische Einordnung: Der Virusnachweis in fetalem Untersuchungsmaterial spricht für eine mögliche intrauterine Infektion. Ein kausaler Zusammenhang zwischen SHAV und dem Abort ist damit jedoch noch nicht bewiesen. Die gezielte virologische Untersuchung sollte weiterhin Teil einer umfassenden Abortdiagnostik sein. Auch indirekte Auswirkungen einer hochfieberhaften Erkrankung des Muttertieres müssen bei der ätiologischen Bewertung berücksichtigt werden.

Konsequenzen für die tierärztliche Bestandsbetreuung

Die akute klinische Infektionsphase und mögliche spätere reproduktionsmedizinische Folgen sind zeitlich getrennt zu beurteilen.

Für eine belastbare epidemiologische und klinische Bewertung sollten insbesondere Erkrankungsbeginn, Besamungsdatum, Trächtigkeitsstadium, Abortzeitpunkt, fetale Befunde und weitere Reproduktionskennzahlen systematisch dokumentiert werden.

Bei Aborten, Totgeburten oder kongenitalen Fehlbildungen ist eine umfassende differenzialdiagnostische Untersuchung einschließlich geeigneter SHAV-Diagnostik angezeigt.

AVA-Praxisbotschaft

Das Abklingen der akuten Erkrankungen bedeutet nicht zwangsläufig das Ende des SHAV-Geschehens. Die weitere Untersuchung von Aborten und kongenitalen Veränderungen ist entscheidend, um die tatsächliche Bedeutung von SHAV-Infektionen während der Trächtigkeit wissenschaftlich einzuordnen.

Luxemburg – epidemiologische Ergänzung

In Luxemburg wurden beide europäischen SHAV-Varianten nachgewiesen. Von 41 untersuchten Verdachts-betrieben waren 24 (59 %) positiv; auf Einzeltierebene wurden 72 von 102 untersuchten Tieren positiv getestet. Diese Befunde belegen die Zirkulation beider Varianten außerhalb Deutschlands, erlauben jedoch keine Hochrechnung auf die Gesamtheit der Rinderbetriebe.

Das epidemiologische Bild des neuen Shamonda-Virus-Geschehens entwickelt sich weiterhin dynamisch. Besonders aufmerksam sollte derzeit die weitere Entwicklung bei tragenden Tieren und im Abortgeschehen verfolgt werden.

Aktuelle Beobachtungen aus der Schweiz weisen darauf hin, dass die akute Infektionswelle bei adulten Rindern möglicherweise bereits abklingt: In Proben erwachsener Tiere wird inzwischen ein geringerer Anteil SHAV-positiver Befunde festgestellt. Gleichzeitig bleibt die Untersuchung von Aborten sowie missgebildeten oder klinisch auffälligen Jungtieren von besonderem Interesse.

Noch Anfang August 2026 berichtete die AVA über den erstmaligen Nachweis eines bis dahin in Deutschland unbekannten, mit dem Shamonda-Virus verwandten Orthobunyavirus bei Rindern.

Nur wenige Wochen später hat sich die Situation deutlich verändert: Das Virus hat sich weiter ausgebreitet, das Wirtsspektrum ist größer als zunächst angenommen und – besonders bedeutsam – inzwischen wurden in Deutschland zwei genetisch unterschiedliche Shamonda-Virus-Varianten nachgewiesen.

Das Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) unterscheidet diese nun als



Shamonda-Virus Europe 1 (**SHAV-EU1**) und
Shamonda-Virus Europe 2 (**SHAV-EU2**).

Damit handelt es sich nach derzeitiger Einschätzung nicht lediglich um die Weiterverbreitung einer einzigen eingeschleppten Virusvariante, sondern um zwei unabhängige Einschleppungs- und Ausbreitungsereignisse, deren Verbreitungsgebiete sich in Deutschland teilweise bereits überschneiden. (Friedrich-Loeffler-Institut)

Die epidemiologische Situation hat sich seit den ersten Nachweisen im Sommer 2026 erheblich verändert. SHAV-EU1 und SHAV-EU2 sind inzwischen in mehreren Regionen Deutschlands nachgewiesen worden. Nach Einschätzung des Friedrich-Loeffler-Instituts könnten bereits Tausende Rinderbetriebe von SHAV-Infektionen betroffen sein. Dabei ist zwischen der geschätzten Verbreitung und der Zahl labordiagnostisch bestätigter Infektionen zu unterscheiden.

Auch außerhalb Deutschlands werden beide Virusvarianten epidemiologisch relevant. In Luxemburg wurden sowohl SHAV-EU1 als auch SHAV-EU2 nachgewiesen; SHAV-EU1 dominierte unter den dort untersuchten Proben. Weitere Nachweise liegen aus europäischen Nachbarländern vor. Anfang Oktober wurden zudem erste positive SHAV-Befunde bei Rindern im irischen County Cork gemeldet.

Für die tierärztliche Praxis bleibt insbesondere die Frage nach der Kreuzprotektion bedeutsam: Ob eine überstandene Infektion mit SHAV-EU1 einen ausreichenden Schutz gegenüber SHAV-EU2 vermittelt, ist bislang nicht geklärt. Ebenso fehlen noch belastbare Daten zu möglichen Unterschieden in Pathogenität, klinischer Ausprägung und fetaler Schädigung zwischen beiden Varianten.

Das macht das Geschehen auch aus tierärztlicher Sicht erheblich interessanter – und komplizierter.

Was seit dem ersten AVA-Bericht neu ist



Anfang August hatte das FLI zunächst ein bislang nicht näher charakterisiertes Orthobunyavirus der Simbu-Serogruppe in Proben erkrankter Rinder aus Süddeutschland nachgewiesen. Alle drei Genomsegmente zeigten die größte Verwandtschaft zum Shamonda-Virus. Wie Schmallenberg-, Akabane- und andere Viren der Simbu-Serogruppe wird SHAV sehr wahrscheinlich überwiegend durch blutsaugende Gnitzen der Gattung Culicoides übertragen. (Friedrich-Loeffler-Institut)

Die zunächst in der Schweiz, Frankreich und Süddeutschland nachgewiesene europäische Variante breitete sich im August weiter aus. In Deutschland wurden Infektionen unter anderem in Baden-Württemberg, Bayern, Hessen, Rheinland-Pfalz, dem Saarland und Sachsen festgestellt. Das FLI stellte den Veterinärlaboren der Bundesländer entsprechende diagnostische Testprotokolle zur Verfügung. (Friedrich-Loeffler-Institut)

Inzwischen wissen wir jedoch: Dieses erste Virus ist nicht allein.



Sequenzanalysen PCR-positiver Proben aus dem Nordwesten und Osten Deutschlands zeigten eine zweite, genetisch deutlich unterscheidbare Shamonda-Virus-verwandte Variante. Entsprechende Rinderproben stammten aus Nordrhein-Westfalen, Niedersachsen, Hessen und Thüringen.

Die zuerst nachgewiesene Variante wird jetzt als SHAV-EU1, die zweite als SHAV-EU2 bezeichnet. Beide gehören zur Spezies Orthobunyavirus schmallenbergense innerhalb der Simbu-Serogruppe. (Friedrich-Loeffler-Institut)

Auf einen Blick

SHAV-EU1: zunächst vor allem Süddeutschland, Schweiz und Frankreich; inzwischen Nachweise bei Rindern sowie Infektionen bei Pferd, Schaf, Ziege und Alpaka.

SHAV-EU2: zweite, genetisch unterscheidbare Variante; bislang nach aktuellem FLI-Stand vor allem aus Rinderproben in Nordwest- und Ostdeutschland bekannt.

Entscheidend: Das FLI geht von zwei unabhängigen Einschleppungs- und Ausbreitungsereignissen aus.

Offene Frage: Ob eine durch SHAV-EU1 erworbene Immunität ausreichend gegen SHAV-EU2 schützt, ist derzeit nicht geklärt.

Luxemburg: Beide Virusvarianten nachgewiesen

Das europäische Verbreitungsbild erweitert sich weiter. Die luxemburgische Veterinärverwaltung berichtete am 15. September 2026, dass inzwischen sowohl SHAV-EU1 als auch SHAV-EU2 im Land nachgewiesen wurden. Dabei dominiert SHAV-EU1, während SHAV-EU2 bislang nur in Einzelfällen fest gestellt wurde. Die positiven Fälle verteilen sich nach Angaben der Behörde gleichmäßig über Luxemburg. Von 41 untersuchten Verdachtsbetrieben waren 24 (59 %) positiv; auf Einzeltierebene wurden 72 von 102 untersuchten Tieren positiv getestet.

Damit ist das parallele Auftreten beider europäischen SHAV-Varianten inzwischen auch außerhalb Deutschlands dokumentiert. Dies unterstreicht die Notwendigkeit, die weitere geografische Ausbreitung beider Varianten sowie mögliche Unterschiede in Epidemiologie, Wirtsspektrum und Immunität aufmerksam zu verfolgen.

Europäische Ausbreitung

Die europäische Verbreitung der beiden Shamonda-Virus-Varianten hat sich weiter ausgedehnt. Nach den auf der EPIZONE-Konferenz in Bern vorgestellten Daten wurde SHAV-EU2 neben Deutschland auch in Belgien, den Niederlanden und Nordwestfrankreich nachgewiesen.

Anfang Oktober 2026 wurden zudem erste positive Shamonda-Virus-Befunde bei Rindern aus zwei Betrieben im County Cork (Republik Irland) gemeldet. Damit erweitert sich das bekannte geografische Verbreitungsgebiet erneut.

SHAV-EU1 und SHAV-EU2 repräsentieren nach bisheriger molekularepidemiologischer Bewertung zwei unabhängige Einschleppungs- und Ausbreitungsereignisse. Ob sich die beiden Varianten hinsichtlich Virulenz, klinischer Symptomatik oder fetaler Pathogenität unterscheiden, ist derzeit nicht ausreichend geklärt.

Für die epidemiologische Bewertung ist deshalb eine differenzierte molekulare Surveillance beider Varianten weiterhin erforderlich.

Drei verwandte Simbu-Orthobunyaviren gleichzeitig in Deutschland

Aus virologischer Sicht verdient eine weitere Entwicklung besondere Aufmerksamkeit.

In Deutschland zirkulieren derzeit: Schmallenberg-Virus (SBV), SHAV-EU1 und SHAV-EU2.

Orthobunyaviren besitzen kein durchgehendes Genom, sondern drei RNA-Segmente – S, M und L. Treffen genetisch unterschiedliche, aber kompatible Viren in einem Wirt bzw. Vektor zusammen, besteht grundsätzlich die Möglichkeit eines Austausches kompletter Genomsegmente, des sogenannten Reassortments.

Das ist keineswegs nur ein theoretisches Szenario. Bereits genetische Untersuchungen verwandter Simbuviren haben gezeigt, dass Reassortment eine wichtige Rolle in deren Evolution spielt. Für das Schmallenberg-Virus wurde beispielsweise eine reassortierte Genomstruktur im Verwandtschaftskomplex von Sathuperi- und Shamonda-Viren beschrieben. (PubMed)

Das FLI weist deshalb ausdrücklich darauf hin, dass bei der derzeitigen Ko-Zirkulation der drei verwandten Orthobunyaviren ein Austausch von Genomsegmenten möglich ist. (Friedrich-Loeffler-Institut)

Das bedeutet nicht, dass zwangsläufig ein neues pathogenes Virus entstehen wird. Es bedeutet aber sehr wohl, dass die molekulare Surveillance und vollständige Genomsequenzierung der zirkulierenden Viren eine hohe Bedeutung haben.

SHAV-EU1 und SHAV-EU2 unterscheiden sich genetisch



Nach ersten Untersuchungen unterscheiden sich alle drei Genomsegmente von SHAV-EU2 von denen des SHAV-EU1. Detaillierte phylogenetische Untersuchungen zur genaueren Einordnung laufen noch. (Friedrich-Loeffler-Institut)

Für die Immunologie ist insbesondere das M-Segment interessant. Nach dem aktuellen FLI-Steckbrief sind S- und L-Segment von Schmallenberg- und Shamonda-Virus eng verwandt, während das für Antigenität und Immunantwort besonders bedeutsame M-Segment eine deutlich geringere Übereinstimmung aufweist. (OpenAgrar)

Daraus ergibt sich eine für Tierärzte und Bestandsbetreuer zentrale, derzeit aber noch unbeantwortete Frage:

Wie ausgeprägt ist die Kreuzimmunität zwischen SHAV-EU1, SHAV-EU2 und anderen Simbuviren?

Insbesondere ist bislang ungeklärt, ob eine überstandene SHAV-EU1-Infektion einen ausreichenden Schutz vor SHAV-EU2 vermittelt. (Friedrich-Loeffler-Institut)

Klinisches Bild beim Rind

Bei akut infizierten adulten Rindern dominieren weiterhin die bereits aus den ersten Ausbrüchen bekannten Symptome:

Fieber, deutlicher Milchleistungsrückgang und Durchfall.

Die Erkrankung adulter Tiere verläuft vielfach mild und vorübergehend. Für die tierärztliche Bestandsbetreuung darf daraus jedoch keinesfalls geschlossen werden, dass SHAV grundsätzlich klinisch unbedeutend sei.

Denn die inzwischen entscheidende Frage betrifft weniger die kurzfristige Erkrankung der adulten Kuh als vielmehr die Infektion während der Trächtigkeit und ihre Folgen für den Fetus. (OpenAgrar)

Besondere Aufmerksamkeit gilt der Infektion während der Trächtigkeit

Was Anfang August aufgrund der engen Verwandtschaft zum Schmallenberg-Virus zunächst vor allem vermutet werden musste, ist inzwischen erheblich konkreter geworden.

Neue Befunde zur transplazentaren Infektion – Stand 10. Oktober 2026
Inzwischen liegen konkrete Nachweise von Shamonda-Virus (SHAV) in abortierten Rinderfeten aus der Schweiz und Rheinland-Pfalz vor. Aus den Niederlanden wurde außerdem ein SHAV-Nachweis bei einem Kalb mit angeborenen Fehlbildungen berichtet.

Die Virusnachweise in fetalem Untersuchungsmaterial sprechen für die Möglichkeit einer transplazentaren Infektion. Sie stellen jedoch für sich genommen noch keinen Beweis dafür dar, dass SHAV die beobachteten Aborte oder Fehlbildungen verursacht hat.

Für die ätiologische Bewertung sind neben dem direkten Erregernachweis insbesondere die pathologisch-anatomischen und histopathologischen Befunde, der Ausschluss relevanter Differenzialdiagnosen sowie die klinische und reproduktionsmedizinische Anamnese zu berücksichtigen.

Der aktuelle FLI-Steckbrief beschreibt als mögliche Folgen einer fetalen Infektion Aborte und schwere Entwicklungsstörungen. Bei Kälbern wurden unter anderem Veränderungen des muskuloskelettalen Systems wie:

- Arthrogrypose, Torticollis, Skoliose und Kyphose sowie Veränderungen des zentralen Nervensystems wie

- Hydranenzephalie, Porenzephalie sowie Hypoplasien von Groß- oder Kleinhirn dokumentiert. Das Krankheitsbild entspricht damit dem von anderen Simbuvirus-Infektionen bekannten Arthrogrypose-Hydranenzephalie-Syndrom (AHS). (OpenAgrar)

Für die Rinderpraxis ist dieser Punkt von erheblicher Bedeutung: Die epidemiologischen Folgen der Infektionswelle des Sommers 2026 könnten teilweise zeitverzögert sichtbar werden.



Aborte, Totgeburten und kongenitale Missbildungen aus Beständen mit vorausgegangenen klinischen SHAV-Verdachtsfällen sollten deshalb konsequent diagnostisch abgeklärt und dokumentiert werden.

Neue Befunde zur Bedeutung von Aborten

Die im Oktober 2026 berichteten SHAV-Nachweise bei abortierten Rinderfeten in Rheinland-Pfalz und der Schweiz sowie bei einem missgebildeten Kalb in den Niederlanden erweitern die bisherige Datenlage zur möglichen fetalen Beteiligung erheblich.

Dabei muss zwischen drei Sachverhalten unterschieden werden:

1. Nachweis einer SHAV-Infektion: Der direkte Erregernachweis in fetalem Untersuchungsmaterial belegt das Vorhandensein viraler Nukleinsäure in der untersuchten Probe.
2. Hinweis auf transplazentare Übertragung: Ein SHAV-Nachweis in geeignetem fetalem Ge-webe kann für eine intrauterine Infektion sprechen. Die Aussagekraft hängt unter anderem von Probenqualität, Entnahmebedingungen und diagnostischer Absicherung ab.
3. Nachweis einer virusbedingten fetalen Schädigung: Ein kausaler Zusammenhang zwischen SHAV-Infektion und Abort beziehungsweise kongenitaler Fehlbildung erfordert zusätzliche pathologische, histopathologische, virologische und differenzialdiagnostische Evidenz.

Frühere Untersuchungen des Tiergesundheitsdienstes Bayern hatten bei Feten aus betroffenen Beständen bislang keine charakteristischen histologischen Veränderungen ergeben; SHAV war nur vereinzelt nachweisbar. Diese Befunde sind bei der Gesamtbewertung weiterhin zu berücksichtigen.

Auch indirekte Auswirkungen einer akuten hochfieberhaften Erkrankung des Muttertieres können bei einem Abortgeschehen eine Rolle spielen.

Für die tierärztliche Praxis folgt daraus, dass Aborte, Totgeburten und kongenitale Fehlbildungen konsequent untersucht werden sollten. Eine gezielte SHAV-Diagnostik sollte dabei in eine umfassende Abklärung infektiöser und nichtinfektiöser Abortursachen eingebettet werden.

Besonders sensibles Trächtigkeitsfenster

Das FLI orientiert sich derzeit aufgrund der Verwandtschaft der Viren an den Erfahrungen mit anderen Simbuviren. Als vulnerables Stadium werden beim Rind analog zum Schmallenberg-Virus ungefähr die 8. bis 14. Trächtigkeitswoche, beim Schaf etwa die 4. bis 8. Trächtigkeitswoche diskutiert. (OpenAgrar)

Diese Zeiträume sollten allerdings nicht als bereits exakt für SHAV definierte biologische Grenzen missverstanden werden. Die entsprechenden Zusammenhänge müssen für die beiden neuen europäischen Varianten noch genauer untersucht werden.

Für die Bestandsbetreuung ergibt sich dennoch schon jetzt ein wichtiger Ansatz: Infektionszeitpunkt, Besamungsdatum, Trächtigkeitsstadium und spätere Reproduktionsstörungen sollten möglichst exakt miteinander verknüpft dokumentiert werden.

Besonders sinnvoll ist es, auffällige Ereignisse, während der Gnitzensaison möglichst genau zu dokumentieren und mit den späteren Reproduktionsdaten des Bestandes zu verknüpfen.

Aktuelle Daten aus der Schweiz zeigen zudem, dass mit dem Abklingen der akuten SHAV-Infektionswelle bei adulten Rindern die reproduktionsmedizinischen Folgen keineswegs beendet, sind: In Abortmaterial wird das Virus weiterhin häufig nachgewiesen.

Nicht nur Rinder sind betroffen

Auch hinsichtlich des Wirtsspektrums hat sich der Kenntnisstand seit Anfang August deutlich erweitert. Für SHAV-EU1 sind inzwischen Infektionen bei Rindern, Schafen, Ziegen, Alpakas und Pferden nachgewiesen. Rinder gelten für beide europäischen Kladen als wichtige Wirte. Für SHAV-EU2 ist das genaue Wirtsspektrum dagegen noch unklar. (OpenAgrar)

Besondere Aufmerksamkeit verdient der Nachweis bei Pferden.

Das FLI bestätigte SHAV bei einem Pferd aus Rheinland-Pfalz, das vor seinem Tod zentralnervöse Störungen gezeigt hatte. In der Gehirnprobe wurde eine hohe Viruslast festgestellt. Nach Einschätzung des FLI macht dies einen Zusammenhang zwischen Infektion und neurologischer Symptomatik wahrscheinlich. (Friedrich-Loeffler-Institut)

Auch in der Schweiz wurde Shamonda-Virus in Gehirnmaterial von zwei Pferden mit zentralnervösen Störungen nachgewiesen. Bei weiteren Pferden wurden kreuzreagierende Antikörper gefunden; dort lässt sich aus dem Antikörpernachweis allein allerdings keine Kausalität für die neurologischen Symptome ableiten. (IVI)



Für die Pferdepraxis ergibt sich daraus eine neue differenzialdiagnostische Konsequenz: Das FLI empfiehlt bei Pferden mit zentralnervösen Störungen und negativen Untersuchungen auf West-Nil-Virus bzw. Bornavirus auch eine Untersuchung auf SHAV in Betracht zu ziehen. (OpenAgrar)

Diagnostik: Die Probenahme zum richtigen Zeitpunkt entscheidet

Der direkte Erregernachweis erfolgt mittels real-time RT-PCR, spezifischer SHAV-PCR bzw. Pan-Simbuvirus-PCR mit anschließender Sequenzierung. Auch eine Virusanzucht ist möglich. (OpenAgrar)

Bei akut erkrankten Rindern sollten Serum oder EDTA-Blut während der klinischen Phase – also bei Fieber, Milchrückgang oder Durchfall – entnommen werden.

Bei Todesfällen mit zentralnervöser Symptomatik ist Gehirnmaterial besonders geeignet.

Bei Aborten, Totgeburten sowie missgebildeten Kälbern oder Lämmern sollte insbesondere Groß- und Kleinhirn untersucht werden; wenn möglich sollten zusätzlich Milz- und Blutproben gewonnen werden. (OpenAgrar)

Aktuelle diagnostische Bewertung

Bei der Probeneinsendung sollten neben geeignetem fetalem Organmaterial möglichst auch Plazentagewebe und weitere für eine vollständige Abortdiagnostik erforderliche Proben berücksichtigt werden. Die konkrete Auswahl und die Versandbedingungen sind mit dem zuständigen Untersuchungslabor abzustimmen.

Ein positiver SHAV-PCR-Befund in fetalem Gewebe ist zunächst ein virologischer Nachweis. Für die Beurteilung einer möglichen ursächlichen Beteiligung am Abortgeschehen müssen die pathologisch-anatomischen und histopathologischen Befunde sowie relevante Differenzialdiagnosen einbezogen werden.

Für die Rinderpraxis gilt: Ein SHAV-Nachweis ersetzt keine vollständige Abortdiagnostik. Ebenso schließt ein negativer PCR-Befund eine vorausgegangene Infektion nicht unter allen Umständen sicher aus, da die Nachweisbarkeit vom Untersuchungsmaterial und vom Zeitpunkt der Probenahme abhängt.

Eine wichtige Ergänzung betrifft die Serologie.

Antikörper können mittels Immunfluoreszenz und Neutralisationstest nachgewiesen werden. Allerdings zeigen Simbuviren erhebliche serologische Kreuzreaktionen. Insbesondere N-Protein-basierte ELISA-Systeme können deshalb nicht ohne Weiteres zwischen verwandten Simbuviren unterscheiden.

Ein positiver Schmallenberg-Virus-ELISA kann somit unter Umständen auch eine vorausgegangene Shamonda-Virus-Infektion oder eine Infektion mit einem anderen verwandten Simbuvirus widerspiegeln. Für eine belastbare Zuordnung sind vergleichende Neutralisationstests erforderlich. (OpenAgrar)

Für die Tierarztpraxis

- Bei akutem Fieber + Durchfall + Milchrückgang während der Gnitzenaktivität sollte SHAV inzwischen Bestandteil der Differenzialdiagnostik sein.
- Bei Abort, Totgeburt oder kongenitalen Missbildungen sollte gezielt an Simbuviren einschließlich SHAV und SBV gedacht werden.
- Bei der Einsendung empfiehlt sich eine möglichst genaue klinische und epidemiologische Anamnese einschließlich Bestandsnummer, Tieridentifikation, Erkrankungsbeginn, Trächtigkeitsstadium und gegebenenfalls vorausgegangener klinischer Fälle im Bestand.
- Die Untersuchung sollte über die zuständige Landesuntersuchungseinrichtung erfolgen.
- Differenzialdiagnostik: SHAV, Schmallenberg und Blauzunge

Für den praktizierenden Rindertierarzt ist die klinische Abgrenzung allein schwierig.

Insbesondere die akute Infektion mit Schmallenberg-Virus kann mit Fieber, Milchrückgang und Durchfall ein sehr ähnliches Bild verursachen. Auch die möglichen fetalen Schäden überschneiden sich erheblich.

Bei der Blauzungenkrankheit können dagegen zusätzlich ausgeprägtere Schleimhautveränderungen, Ödeme, Läsionen im Maulbereich, Veränderungen an Zitzen sowie Lahmheiten auftreten. Dennoch kann bei atypischen oder milden Verläufen eine rein klinische Zuordnung problematisch sein.

Entscheidend ist deshalb die Labordiagnostik.

AVA-Praxishinweis – Abortdiagnostik im Herbst 2026

Bei gehäuften Aborten, Totgeburten oder kongenitalen Fehlbildungen sollte SHAV inzwischen ausdrücklich in die differenzialdiagnostischen Überlegungen einbezogen werden.

Die Untersuchung darf sich jedoch nicht allein auf SHAV und das Schmallenberg-Virus beschränken. Je nach klinischem und epidemiologischem Befund sind weitere infektiöse und nichtinfektiöse Abortursachen zu berücksichtigen.

Ein positiver SHAV-PCR-Befund in fetalem Material ist ein wichtiger virologischer Befund, beweist für sich allein jedoch keine SHAV-bedingte Abortursache.

Für eine belastbare ätiologische Bewertung sind deshalb eine vollständige Bestandsanamnese, geeignete Proben, pathologische Untersuchungen und die gezielte Abklärung relevanter Differenzialdiagnosen erforderlich.

Was kann der Tierhalter tun?

Eine spezifische Therapie gegen SHAV steht nicht zur Verfügung. Auch ein zugelassener spezifischer Impfstoff ist derzeit nicht verfügbar.



Klassische Bekämpfungsmaßnahmen können eine Infektion mit einem durch Gnitzen übertragenen Virus nicht zuverlässig verhindern. Maßnahmen zur Reduktion der Exposition gegenüber Culicoides können jedoch insbesondere während der vektoraktiven Zeit zur Verminderung des Infektionsrisikos beitragen. (OpenAgrar)

Dazu gehören ein betriebsspezifisches Vektormanagement und – soweit praktikabel – die Reduzierung des Kontaktes besonders gefährdeter Tiere mit Gnitzen.

Besondere Aufmerksamkeit verdienen dabei seronegative Tiere während vulnerabler Trächtigkeitsstadien.

Das FLI weist sogar darauf hin, dass – soweit betrieblich realisierbar – der Besamungszeitpunkt so gewählt werden könnte, dass besonders vulnerable Trächtigkeitsphasen möglichst außerhalb der vektoraktiven Jahreszeit liegen. (OpenAgrar)

Für Milchviehbetriebe ist dies naturgemäß nicht ohne Weiteres umzusetzen. Der Hinweis verdeutlicht aber die besondere Bedeutung, die der fetalen Infektion beigemessen wird.

Keine nachgewiesene Erkrankung des Menschen

Für eine klinische Erkrankung des Menschen durch Shamonda-Virus gibt es nach aktuellem Kenntnisstand keinen Nachweis. Simbuviren dieser Gruppe gelten im Allgemeinen nicht als relevante Zoonoseerreger. (OpenAgrar)

Das ist etwas anderes als die absolute Aussage, das Virus sei „für Menschen ungefährlich“. Bei einem neu auftretenden Erreger sollte aus wissenschaftlicher Sicht stets der aktuelle Kenntnisstand formuliert werden.

Einordnung aus One-Health-Sicht

Das derzeitige Fehlen dokumentierter humaner Erkrankungen ist nicht mit dem experimentellen Nachweis einer fehlenden Humanpathogenität gleichzusetzen. Nach dem bisherigen Kenntnisstand ergibt sich jedoch kein belastbarer Hinweis auf ein relevantes zoonotisches Erkrankungsgeschehen durch SHAV-EU1 oder SHAV-EU2.

Die weitere Beobachtung des Virusgeschehens bei unterschiedlichen Tierarten und seiner Vektoren bleibt deshalb auch unter One-Health-Gesichtspunkten sinnvoll.

Neue französische Daten bestätigen das klinische Bild

Bemerkenswert ist inzwischen auch eine aktuelle wissenschaftliche Publikation aus Frankreich. Kelleci et al. beschrieben 2026 in Eurosurveillance Fälle bei Milchkühen in Ostfrankreich mit akutem Fieber, Diarrhoe, Lethargie und ausgeprägtem Milchleistungsrückgang. Mittels metagenomischer Nanopore-Sequenzierung wurde ein Orthobunyavirus der Simbu-Serogruppe nachgewiesen und das vollständige Genom charakterisiert.

Die L- und M-Segmente gruppierten sich mit nigerianischen Shamonda-Viren, während das S-Segment ein abweichendes phylogenetisches Muster zeigte. Die Autoren diskutieren deshalb unter anderem Mutation bzw. Reassortment als mögliche Erklärung. Damit liegen inzwischen nicht nur behördliche Meldungen, sondern auch erste peer-reviewte molekular-epidemiologische Daten zum europäischen Geschehen vor. (PubMed)

Was wir derzeit noch nicht wissen

Trotz des raschen Erkenntnisgewinns bleiben entscheidende Fragen offen:

- Wie groß ist die tatsächliche Verbreitung von SHAV-EU1 und SHAV-EU2?
- Welche Culicoides-Arten sind in Mitteleuropa die wichtigsten Vektoren?
- Wie hoch ist die klinische und subklinische Infektionsrate in Rinderbeständen?
- Wie häufig kommt es tatsächlich zu Aborten und kongenitalen Schäden?
- Welche Gestationsstadien sind für SHAV-EU1 und SHAV-EU2 besonders vulnerabel?
- Wie lange hält die Immunität nach natürlicher Infektion an?
- Besteht ein ausreichender Kreuzschutz zwischen SHAV-EU1 und SHAV-EU2?
- Welchen Einfluss haben vorausgegangene Infektionen mit Schmallenberg-Virus auf die Immunantwort?

Und schließlich: Welche epidemiologische Bedeutung hat die gleichzeitige Zirkulation mehrerer segmentierter Simbu-Orthobunyaviren hinsichtlich möglicher Reassortment-Ereignisse?

Gerade diese offenen Fragen machen eine konsequente klinische Beobachtung, Probenahme und wissenschaftliche Begleitung der Infektionswelle notwendig.

Der Hoftierarzt wird zum wichtigen epidemiologischen Beobachter

Für die tierärztliche Bestandsbetreuung liegt hier eine besondere Aufgabe.



Der Hoftierarzt sieht nicht nur das einzelne fiebernde Tier. Er kennt die Herde, die Milchleistungsentwicklung, die Reproduktionsdaten, die Besamungstermine, Aborte, Totgeburten und möglicherweise erst Monate später auftretende kongenitale Veränderungen.

Genau diese Verknüpfung von klinischer Beobachtung, Produktionsdaten, Reproduktionsmanagement und gezielter Labordiagnostik kann wesentlich dazu beitragen, die tatsächliche Bedeutung des neuen Virusgeschehens zu verstehen.

Das gilt umso mehr, weil eine exakte bundesweite Erfassung derzeit schwierig ist. Das FLI weist darauf hin, dass aufgrund der fehlenden Meldepflicht keine einheitliche Erfassung wie bei meldepflichtigen Tierseuchen erfolgt. (Friedrich-Loeffler-Institut)

AVA-Fazit – Stand 10. Oktober 2026
Das Shamonda-Virus hat sich innerhalb weniger Monate von einem zunächst regional beschriebenen Infektionsgeschehen zu einer veterinärmedizinisch bedeutsamen Herausforderung in mehreren europäischen Ländern entwickelt. In Deutschland zirkulieren mit SHAV-EU1 und SHAV-EU2 zwei genetisch unterscheidbare Virusvarianten, deren Einschleppung und Ausbreitung nach Einschätzung des Friedrich-Loeffler-Instituts unabhängig voneinander erfolgten.

Während die akute Erkrankung adulter Rinder häufig vorübergehend verläuft, verdient die mögliche Bedeutung von SHAV-Infektionen während der Trächtigkeit besondere Aufmerksamkeit.

Die inzwischen berichteten Virusnachweise bei abortierten Rinderfeten in Rheinland-Pfalz und der Schweiz sowie bei einem missgebildeten Kalb in den Niederlanden erweitern die epidemiologische und diagnostische Datenlage. Sie sprechen für die Möglichkeit fetaler Infektionen, beweisen jedoch noch keinen ursächlichen Zusammenhang zwischen SHAV und den beobachteten Aborten beziehungsweise Fehlbildungen.

Für die tierärztliche Bestandsbetreuung ergeben sich daraus drei zentrale Aufgaben:

1. **Akute Erkrankungen frühzeitig diagnostisch abklären**, insbesondere bei Fieber, Durchfall und auffälligen Milchleistungsrückgängen während der Gnitzensaison.

2. **Reproduktionsstörungen systematisch erfassen und untersuchen,** insbesondere Aborte, Totgeburten und kongenitale Fehlbildungen unter Berücksichtigung des Trächtigkeitsstadiums und möglicher früherer Infektionen.
3. **Virologische Befunde differenziert bewerten**, indem direkte Erregernachweise mit klinischer Anamnese, pathologisch-anatomischen Untersuchungen und relevanten Differenzialdiagnosen zusammengeführt werden.

Wesentliche wissenschaftliche Fragen bleiben offen. Dazu gehören die tatsächliche Häufigkeit und Pathogenese fetaler Schädigungen, die Kreuzimmunität zwischen SHAV-EU1 und SHAV-EU2 sowie die epidemiologische Bedeutung einer möglichen Reassortierung mit anderen Simbu-Orthobunyaviren.

Die AVA empfiehlt deshalb eine konsequente, wissenschaftlich fundierte Überwachung des wei-teren Infektionsgeschehens.

Der betreuende Hoftierarzt nimmt dabei eine Schlüsselrolle ein: Er verbindet klinische Beobachtungen mit Bestandsdaten, Reproduktionsmanagement und gezielter Labordiagnostik.

Denn nur wer Infektionen, Trächtigkeitsverläufe und spätere Reproduktionsstörungen systematisch zusammenführt, kann die tatsächliche Bedeutung des Shamonda-Virus für die Rindergesundheit zuverlässig beurteilen.

Für die Praxis bedeutet dies: SHAV gehört ab sofort in die Differenzialdiagnostik.
Bei akuten Fiebergeschehen mit Milchrückgang und Durchfall ebenso wie bei Aborten, Totgeburten und missgebildeten Kälbern sollte an SHAV gedacht und geeignetes Material zur Labordiagnostik eingesandt werden.

Das Geschehen des Sommers 2026 zeigt erneut, wie schnell sich vektorübertragene Viren in mitteleuropäischen Nutztierpopulationen etablieren können.

Die nächsten Monate werden zeigen, welche langfristige Bedeutung SHAV-EU1 und SHAV-EU2 für Rindergesundheit, Reproduktion und Bestandsbetreuung tatsächlich entwickeln.

EG Hellwig
Fachtierarzt & Agrarwissenschaftler
Agrar- und Veterinär-Akademie (AVA) – Stand: 01.11.2026



Literatur und aktuelle Fachinformationen

Friedrich-Loeffler-Institut (FLI): FLI weist neues Orthobunyavirus der Simbu-Serogruppe („Shamonda-like“) bei Rindern in Deutschland nach. 03.08.2026.
Friedrich-Loeffler-Institut (FLI): Shamonda-Virus: Neu eingeschlepptes Rindervirus breitet sich aus. 17.08.2026.
Friedrich-Loeffler-Institut (FLI): Shamonda-Virus: Infektionen bei Pferd und Alpaka bestätigt, Schafe und Ziegen auch emp-fänglich. 31.08.2026.
Friedrich-Loeffler-Institut (FLI): FLI bestätigt weiteres Shamonda-Virus-verwandtes Orthobunyavirus in Deutschland. 01.09.2026.
Friedrich-Loeffler-Institut (FLI): Steckbrief Shamonda-Virus (SHAV). Stand 03.09.2026.
Kelleci M, Fusade-Boyer M, Chrétien D et al.: Detection of a novel Shamonda Orthobunyavirus in dairy cattle, France, June 2026. Euro Surveill. 2026;31(33). doi:10.2807/1560-7917.ES.2026.31.33.2600689.
Yanase T et al.: Genetic reassortment between Sathuperi and Shamonda viruses of the genus Orthobunyavirus in nature: implications for their genetic relationship to Schmallenberg virus. Arch Virol. 2012.
Institut für Virologie und Immunologie (IVI), Schweiz: Shamonda-Virus in der Schweiz. Aktualisierte Informationen August 2026.

Ergänzende amtliche Fachinformationen – Oktober 2026

Landesuntersuchungsamt Rheinland-Pfalz (LUA): Shamonda-Virus (SHAV). Fachinformationen und FAQ, Stand 02.10.2026. Angaben zu SHAV-Nachweisen in abortierten Rinderfeten in Rheinland-Pfalz und der Schweiz sowie zu einem missgebildeten Kalb in den Niederlanden. Die ursächliche Bedeutung für die beobachteten Aborte und Fehlbildungen ist noch nicht abschließend geklärt.
Quelle: https://lua.rlp.de/unsere-themen/tiergesundheit-tierseuchen/tierseuchenbekaempfung/shamonda-virus

Department of Agriculture, Environment and Rural Affairs (DAERA), Nordirland: Muir notes reported Shamonda virus findings in County Cork. Amtliche Mitteilung vom 05.10.2026. Bestätigung der gemeldeten positiven SHAV-Befunde aus zwei Rinder-betrieben im irischen County Cork.
Quelle: https://www.daera-ni.gov.uk/news/muir-notes-reported-shamonda-virus-findings-county-cork

Behörde für Justiz und Verbraucherschutz Hamburg: Shamonda-Virus. Amtliche Fachinformation zur klinischen Symptomatik, zum Wirtsspektrum und zur differenzialdiagnostischen Bedeutung neurologischer Erkrankungen bei Pferden.
Quelle: https://www.hamburg.de/politik-und-verwaltung/behoerden/bjv/themen/verbraucherschutz/tiere/shamonda-virus-1225606

