Aktualisierung – Stand 20. 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 seit Sommer 2026 zwei genetisch unterschiedliche Shamonda-Virus-Varianten: **SHAV-EU1 und SHAV-EU2**. Das Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) geht von zwei unabhängigen Einschleppungs- und Ausbreitungsereignissen aus. Das Virusgeschehen ist inzwischen großräumig verbreitet. Nach einer Anfang Oktober veröffentlichten Einschätzung des FLI könnten bereits Tausende Rinderbetriebe betroffen sein.

Für die Rinderpraxis sind derzeit sechs Punkte besonders wichtig:

- **Epidemiologie:** SHAV-EU1 und SHAV-EU2 zirkulieren in Deutschland und weiteren europäischen Ländern. Beide Varianten können sich geografisch überschneiden. Anfang Oktober wurden auch erste SHAV-Nachweise bei Rindern in Irland gemeldet. Nach Angaben des Schweizer Instituts für Virologie und Immunologie (IVI) wurden in der Schweiz bis zum 14. Oktober knapp 200 positive SHAV-Fälle in 22 Kantonen erfasst. Für Baden-Württemberg wurden zum 14. Oktober 320 Rinderbetriebe mit positivem SHAV-Nachweis berichtet. Die Zahlen verwenden unterschiedliche Erfassungseinheiten und sind nicht unmittelbar vergleichbar.
- **Klinik:** Bei adulten Rindern stehen Fieber, Durchfall und teilweise erhebliche Milchleistungsrückgänge im Vordergrund. Infektionen können jedoch auch klinisch unauffällig verlaufen.
- **Trächtigkeit und fetale Infektion:** In Rheinland-Pfalz und der Schweiz wurde SHAV in abortierten Rinderfeten nachgewiesen. Aus den Niederlanden wurde ein Virusnachweis bei einem missgebildeten Kalb berichtet. Diese Befunde sind wichtige Hinweise auf eine mögliche fetale Beteiligung. Ein ursächlicher Zusammenhang zwischen SHAV-Infektion und Abort oder Fehlbildung ist damit jedoch noch nicht abschließend bewiesen.
- **Diagnostik:** Bei akut erkrankten Rindern ist der direkte Erregernachweis mittels RT-PCR aus geeigneten Blutproben während der klinischen Phase anzustreben. Bei Aborten, Totgeburten und kongenitalen Fehlbildungen sind insbesondere fetale

Organproben einschließlich Gehirnmaterial diagnostisch relevant. Probenart, Entnahme und Versand sollten mit dem Untersuchungslabor abgestimmt werden.

- **Differenzialdiagnosen:** Schmallenberg-Virus und Blauzungenvirus sind insbesondere bei akuten Erkrankungen beziehungsweise Reproduktionsstörungen differenzialdiagnostisch zu berücksichtigen. Eine sichere ätiologische Zuordnung erfordert die Labordiagnostik.
- **Offene wissenschaftliche Fragen:** Weiterhin ungeklärt sind unter anderem die tatsächliche Häufigkeit fetaler Schäden, die Kreuzimmunität zwischen SHAV-EU1 und SHAV-EU2, das genaue Wirtsspektrum sowie 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. Die jüngsten Angaben aus der Schweiz (knapp 200 positive Fälle in 22 Kantonen) und Baden-Württemberg (320 positive Rinderbetriebe) unterstreichen die weite Verbreitung. Unterschiedliche Zähleinheiten und Untersuchungsstrategien begrenzen die Vergleichbarkeit.

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.

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.

Neu – 12. November 2026: Schweizer Betriebe melden missgebildete Kälber

Das Schweizer IVI meldet missgebildete Kälber aus zuvor SHAV-betroffenen Betrieben sowie weiterhin Aborte. Die Verursachung durch SHAV bleibt ungeklärt; neue virologische Bestätigungen bei diesen Kälbern werden nicht genannt. Die Beobachtungen begründen weiteren Untersuchungsbedarf.

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. Bei der Untersuchung abortierter Rinderfeten sind je nach Labor insbesondere Gehirn, Milz sowie Herzblut oder Körperhöhlenflüssigkeit für eine gezielte SHAV-Diagnostik zu erwägen. Die Probenauswahl muss mit dem zuständigen Labor abgestimmt werden; ein positiver PCR-Nachweis allein beweist keine Abortursache.

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 Verdachtsbetrieben 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)

Epidemiologischer Zwischenstand

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. Auch die aktuelle Lage in der Schweiz und in Baden-Württemberg verdeutlicht die epidemiologische Relevanz. Eine unmittelbare Gegenüberstellung der Meldedaten ist aufgrund unterschiedlicher Erfassungseinheiten nicht zulässig.

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 festgestellt wurde. Die positiven Fälle verteilen sich nach Angaben der Behörde relativ 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 Virusvarianten systematisch zu überwachen und mögliche Unterschiede hinsichtlich Epidemiologie, Wirtsspektrum und Immunität wissenschaftlich zu untersuchen.

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 vergleichsweise 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

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.

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 Gewebe 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 Orientierung für mögliche vulnerable Trächtigkeitsstadien dienen derzeit Erfahrungen mit verwandten Simbuviren, insbesondere dem Schmallenberg-Virus. Die hierfür beschriebenen Zeitfenster dürfen jedoch nicht als gesicherte Risikoperioden für SHAV-EU1 oder SHAV-EU2 übernommen werden. Ein spezifisches Risikofenster für fetale Schädigungen durch die neuen europäischen SHAV-Varianten ist bislang nicht wissenschaftlich definiert.

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

Die inzwischen berichteten SHAV-Nachweise in abortierten Rinderfeten unterstreichen die Bedeutung einer möglichst präzisen zeitlichen Zuordnung. Für die Bestandsbetreuung sollten deshalb Besamungsdatum, vermuteter Infektionszeitpunkt, klinische Erkrankungen während der Trächtigkeit sowie Zeitpunkt und Befund eines späteren Abortes gemeinsam dokumentiert werden.
Aus den bisher vorliegenden Nachweisen lässt sich jedoch noch kein spezifisches, wissenschaftlich gesichertes Risikofenster für SHAV-EU1 oder SHAV-EU2 ableiten. Insbesondere dürfen die vom Schmallenberg-Virus bekannten Zeitfenster nicht ungeprüft auf SHAV übertragen werden.

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.

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.

NEU – 17. November 2026: SHAV-RNA in freilebenden Culicoides-Gnitzen in der Schweiz

Eine aktuelle Schweizer Untersuchung (Cappa et al., Eurosurveillance 2026) liefert neue Hinweise auf die mögliche Vektorbeteiligung. Im August und September 2026 wurden 610 wild gefangene Gnitzen aus Rinderhaltungsbetrieben untersucht; 15 von 34 Sammelproben waren SHAV-RNA-positiv.

Die positiven Pools betrafen unter anderem die Culicoides obsoletus-Gruppe sowie C. circumscriptus und C. festivipennis. Die aus gepoolten Proben errechnete minimale Infektionsrate ist keine unmittelbar gemessene Prävalenz infizierter Einzelinsekten.

Tiermedizinische Einordnung: Der molekularbiologische RNA-Nachweis in Feldfängen belegt keine Vektorkompetenz. Insbesondere Virusvermehrung, Infektiosität und tatsächliche Übertragung durch den Stich müssen gesondert untersucht werden. Auch eine Zuordnung zu SHAV-EU1 beziehungsweise SHAV-EU2 ergibt sich daraus nicht ohne entsprechende Typisierung.

Für die Bestandsbetreuung sind saisonale Gnitzenaktivität, regionale Exposition und mögliche Infektionen in empfindlichen Trächtigkeitsphasen zu berücksichtigen. Die Empfehlungen zu Dokumentation, Abortdiagnostik und betriebsspezifischem Vektormanagement bleiben bestehen.

AVA-Bewertung: Die Befunde stärken die epidemiologische Plausibilität einer Beteiligung einheimischer Culicoides-Arten, ohne einen experimentellen Übertragungsnachweis zu ersetzen.

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 seronegative, tragende Tiere während der vektoraktiven Jahreszeit. Welche Trächtigkeitsstadien bei Infektionen mit SHAV-EU1 oder SHAV-EU2 besonders gefährdet sind, ist derzeit noch nicht abschließend geklärt.

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.

Aktualisierung 12.11.2026:

Erster menschlicher Shamonda-Virus-Fall – neue Erkenntnisse zur Zoonosefrage

Am 22. Oktober 2026 wurde aus Frankreich erstmals eine dokumentierte menschliche Infektion mit dem Shamonda-Virus bekannt. Betroffen war ein immunsupprimierter Patient mit einer schweren neurologischen Erkrankung.
Damit ist die bisherige Aussage, dass keine menschlichen Erkrankungen durch das Shamonda-Virus bekannt seien, überholt.

Der Einzelfall bedeutet allerdings nicht, dass SHAV generell ein hohes Erkrankungsrisiko für Menschen darstellt. Insbesondere die Häufigkeit menschlicher Infektionen, mögliche Risikofaktoren und die tatsächliche humanmedizinische Bedeutung sind weiterhin unzureichend geklärt.

WHO-Einordnung des ersten bestätigten humanen SHAV-Falls

Nach Angaben der Weltgesundheitsorganisation (WHO) handelte es sich um einen älteren, schwer immunsupprimierten Mann aus Ostfrankreich. Die neurologische Erkrankung begann am 23. September 2026; es entwickelte sich eine schwere Enzephalitis. Der Patient verstarb am 8. Oktober. SHAV-EU1 wurde mittels metagenomischer Sequenzierung und RT-PCR nachgewiesen. Die Quelle und der Übertragungsweg der Infektion sind bislang unbekannt. Eine Übertragung durch Vektoren wird diskutiert, ist aber für diesen Fall nicht nachgewiesen. Die WHO hält das Risiko für die Allgemeinbevölkerung auf Grundlage eines einzigen Falles noch nicht für zuverlässig bewertbar. Weitere Humanfälle waren zum Zeitpunkt der WHO-Mitteilung nicht bekannt.

Für die tierärztliche Praxis folgt daraus keine neue pauschale Gefährdungseinstufung, wohl aber die Notwendigkeit, ungewöhnliche Befunde interdisziplinär zu kommunizieren. Der Nachweis einer humanen Infektion ist von einem Nachweis einer regelmäßigen zoonotischen Übertragung klar zu unterscheiden.

Quelle: WHO, Disease Outbreak News, 02.11.2026: https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2026-DON623

Großbritannien bestätigte SHAV-Nachweise bei Milchrindern

Die britische Animal and Plant Health Agency (APHA) bestätigte SHAV bei Rindern aus zwei Milchviehbetrieben in Powys (Wales) und Shropshire (England). Die Proben wurden im Oktober entnommen und im APHA-Labor Weybridge untersucht.

Es handelt sich um die ersten offiziell gemeldeten Nachweise in Nutztieren auf dem britischen Festland. Zuvor waren Nachweise auf Jersey und in der Republik Irland bekannt geworden. Die APHA bestätigte ausdrücklich das Shamonda-Virus und nicht das Schmallenberg-Virus

AKTUALISIERUNG 20.11.2026 – Fünf SHAV-positive Milchviehbetriebe in Großbritannien

In einer am 19. November 2026 veröffentlichten parlamentarischen Antwort teilte Defra mit, dass SHAV bis zum 17. November auf fünf Milchviehbetrieben in Großbritannien nachgewiesen wurde. Die Diagnostik erfolgte durch APHA nach Einsendung von Proben durch praktizierende Tierärzte anhand

der veröffentlichten Verdachtsfalldefinition. Zu den drei zusätzlich bekannt gewordenen Betrieben werden weder Standorte noch Einzeltermine oder Viruskladen angegeben; daraus lässt sich keine Prävalenz oder Ausbreitungsgeschwindigkeit ableiten.

Die am 19. November aktualisierte APHA-Fachinformation beschreibt unter anderem akute klinische Erkrankungen adulter Milchkühe und kongenitale Veränderungen bei Kälbern und Lämmern; eine abschließende Kausalitätsbewertung aller beobachteten reproduktiven Befunde steht aus. Differenzialdiagnostisch ist insbesondere Schmallenberg zu berücksichtigen; der Nachweis von SHAV und SBV ist klar zu unterscheiden.

Für England und Wales wird ein kostenloses SHAV-/SBV-Untersuchungsangebot (Oktober 2026 bis Mai 2027) für Kälber, Lämmer, Zicklein und nun auch Kamelidenjungtiere mit Arthrogrypose oder anderen angeborenen Fehlbildungen des Bewegungsapparats beschrieben. Bevorzugt wird frisches Gehirnmaterial einschließlich Hirnstamm; Einsendungen und Verfahren sind mit dem zuständigen Labor abzustimmen. Die Erweiterung der Untersuchungskriterien ist kein neuer Nachweis bei Kameliden-jungtieren und nicht auf deutsche Labore übertragbar.

Amtliche Quellen (Stand 19.11.2026): UK Parliament/Defra: https://questions-statements.parliament.uk/written-questions/detail/2026-11-16/43593 ; APHA-Fachinformation: https://www.gov.uk/government/publications/shamonda-virus-infection-in-animals/shamonda-virus-shav-disease-information-note-shav-in-animals

Die britischen Behörden stufen SHAV derzeit nicht als anzeigepflichtige Tierseuche ein und sehen nach gegenwärtiger Datenlage keinen Anlass für zusätzliche spezifische Seuchenbekämpfungsmaßnahmen. Die weitere epidemiologische Entwicklung wird überwacht.

Die APHA beschreibt bei akut erkrankten Milchkühen unter anderem verminderte Wiederkauaktivität, Apathie, Inappetenz, vorübergehendes Fieber, Durchfall und einen abrupten Milchleistungsrückgang. Auch Umrindern und Aborte wurden in betroffenen Herden beobachtet. Diese klinischen Zeichen sind unspezifisch und müssen insbesondere gegenüber Blauzungenkrankheit und Schmallenberg-Virus-Infektionen abgegrenzt werden. Aus den britischen Meldungen geht nicht hervor, ob die beiden dortigen Nachweise SHAV-EU1 oder SHAV-EU2 zuzuordnen sind.



AVA-Einordnung: Die Nachweise in England und Wales erweitern das dokumentierte europäische Verbreitungsgebiet. Aus fünf bestätigten Betrieben lässt sich weder die Prävalenz in Großbritannien noch der Infektionsweg im Einzelfall ableiten. Für die Rinderpraxis sind systematische klinische Erfassung, gezielte Labordiagnostik und eine differenzierte Abortabklärung entscheidend.

Quellen: APHA/Defra, 02.11.2026: https://www.gov.uk/government/news/shamonda-virus-detected-in-livestock-in-great-britain-for-first-time ;

APHA-EEDAS, aktualisiert 03.11.2026: https://www.gov.uk/government/publications/alerts-for-vets-emerging-and-endemic-disease-alert-system-eedas/2-november-2026-shamonda-virus-detected-in-cattle-in-great-britain

Einordnung aus One-Health-Sicht
Die FAO betont in ihrer Veröffentlichung vom 10. November 2026 die Bedeutung einer verstärkten veterinärmedizinischen Überwachung, verbesserter Labordiagnostik und einer engeren Zusammenarbeit zwischen Human- und Veterinärmedizin.
Besonders bei ungeklärten Aborten, Totgeburten und angeborenen Fehlbildungen von Wiederkäuern sollte SHAV differenzialdiagnostisch berücksichtigt werden.
Die gleichzeitige Zirkulation zweier genetisch unterschiedlicher europäischer Virusvarianten (SHAV-EU1 und SHAV-EU2) unterstreicht die Bedeutung einer kontinuierlichen molekularepidemiologischen Überwachung.

AVA-Einordnung: Der dokumentierte humane Infektionsfall erweitert die bisherige Risikobewertung. Er rechtfertigt erhöhte wissenschaftliche Aufmerksamkeit, aber keine pauschale Einstufung des Shamonda-Virus als erhebliche Gefahr für die Allgemeinbevölkerung. Entscheidend bleiben eine belastbare Diagnostik, die epidemiologische Überwachung und die Zusammenarbeit zwischen Human- und Veterinärmedizin.

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

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 weiteren 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 20. November 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 empfänglich. 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.

Neue wissenschaftliche Originalquelle – 17. November 2026

Cappa M, Pianta E, Rinaldi A, Kubacki J, Veronesi E. Detection of Shamonda virus in field-collected Culicoides (Diptera: Ceratopogonidae), Switzerland, August to September 2026. Eurosurveillance. 2026;31(45). DOI: 10.2807/1560-7917.ES.2026.31.45.2600927. https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2026.31.45.2600927

Ergänzende amtliche Fachinformationen

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 Rinderbetrieben 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

Staatliche Veterinärverwaltung Tschechien (SVS)
Erster Shamonda-Virus-Nachweis in Tschechien – Originalmeldung der SVS

World Health Organization (WHO), 02.11.2026: Disease Outbreak News, DON623. Humaner Shamonda-Virus-Infektionsfall in Frankreich.
https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2026-DON623

Animal and Plant Health Agency (APHA), 02.11.2026: Emerging and Endemic Disease Alert System (EEDAS): Shamonda virus detected in cattle in Great Britain.
https://www.gov.uk/government/publications/alerts-for-vets-emerging-and-endemic-disease-alert-system-eedas/2-november-2026-shamonda-virus-detected-in-cattle-in-great-britain

Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), 10.11.2026: Shamonda virus outbreaks continue spreading in animals in Europe with the reporting of the first human infection. FAO, One Health – Highlights.
FAO-Originalveröffentlichung

Ergänzende britische Primärquellen – 19. November 2026

Defra, Antwort des britischen Parlaments, 19.11.2026 (5 Milchviehbetriebe bis 17.11.): https://questions-statements.parliament.uk/written-questions/detail/2026-11-16/43593

APHA, Shamonda virus (SHAV) disease information note, aktualisiert 19.11.2026 (Klinik und Diagnostik): https://www.gov.uk/government/publications/shamonda-virus-infection-in-animals/shamonda-virus-shav-disease-information-note-shav-in-animals