

(aktualisiert am 26.09.2026)

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 labor-diagnostisch 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.

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.

Für die Interpretation von Abortgeschehen ist weiterhin Zurückhaltung erforderlich. Ein SHAV-Nachweis im zeitlichen Zusammenhang mit einem Abort beweist nicht automatisch eine direkte virusbedingte Schädigung des Fetus. Auch eine schwere, hochfieberhafte Erkrankung des Muttertieres kann zum Abortgeschehen beitragen. Entscheidend bleiben deshalb eine **konsequente diagnostische Abklärung und eine möglichst vollständige klinische und reproduktionsmedizinische Anamnese**.

Für die Bestandsbetreuung bedeutet dies: Die klinische Infektionswelle und mögliche reproduktionsmedizinische Folgen müssen **zeitlich getrennt betrachtet** werden. Infektionszeitpunkt, Besamungsdatum, Trächtigkeitsstadium, Abort, Totgeburt und mögliche kongenitale Veränderungen sollten möglichst exakt dokumentiert und miteinander in Beziehung gesetzt werden.

AVA-Praxisbotschaft:

Das Abklingen der akuten Erkrankungen bedeutet nicht zwangsläufig das Ende des SHAV-Geschehens. Die kommenden Monate werden zeigen, welche Bedeutung Infektionen während der Trächtigkeit tatsächlich für Abortgeschehen und fetale Entwicklung besitzen.

Neu hinzugekommen sind Daten aus Luxemburg: Dort wurden inzwischen sowohl SHAV-EU1 als auch SHAV-EU2 nachgewiesen. In 24 von 41 untersuchten verdächtigen Betrieben (59 %) gelang ein SHAV-Nachweis; 72 von 102 untersuchten Einzeltieren waren positiv. Die Befunde unterstützen die Einschätzung, dass SHAV-verwandte Orthobunyaviren inzwischen großräumig in Mitteleuropa zirkulieren. Weiterhin ungeklärt sind insbesondere die Kreuzimmunität zwischen SHAV-EU1 und SHAV-EU2 sowie das tatsächliche Risiko fetaler Schäden nach Infektion tragender Tiere.

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 entwickelt sich weiter. Neben Deutschland wurden inzwischen auch in Luxemburg beide derzeit unterschiedenen europäischen Shamonda-Virus-Varianten nachgewiesen. Dort dominiert nach Angaben der Veterinärbehörden SHAV-EU1, während SHAV-EU2 bislang nur in Einzelfällen festgestellt wurde. Damit verdichten sich die Hinweise, dass in Mitteleuropa nicht nur eine einzelne neu eingeschleppte Virusvariante zirkuliert, sondern mindestens zwei gene-tisch unterschiedliche SHAV-Varianten epidemiologisch berücksichtigt werden müssen. Für die tierärztliche Praxis bleibt insbesondere offen, in welchem Umfang eine Infektion mit einer Variante eine Kreuzprotektion gegenüber der anderen vermittelt.

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 Gnizen 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 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.

Auch Belgien und die Niederlande gehören inzwischen zum Verbreitungsgebiet von SHAV-EU2. Beim fachlichen Austausch auf der EPIZONE-Konferenz in Bern wurde berichtet, dass SHAV-EU2 auch in Belgien, den Niederlanden, Norddeutschland und Nordwestfrankreich nachgewiesen wurde. SHAV-EU2 stellt dabei ein von SHAV-EU1 unabhängiges Einschleppungs- und Ausbreitungsereignis dar. Hinweise darauf, dass beide Virustypen unterschiedliche klinische Symptome verursachen, bestehen derzeit nicht; entsprechende Untersuchungen laufen.

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.

In der Schweiz wurde Shamonda-Virus bereits in mehreren abortierten Rinderföten nachgewiesen. Damit ist die Möglichkeit einer transplazentaren Infektion nicht mehr lediglich eine theoretische Analogie zum Schmallenberg-Virus. (IVI)

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 vorausgegangenem klinischen SHAV-Verdachtsfällen sollten deshalb konsequent diagnostisch abgeklärt und dokumentiert werden.

Neue Befunde zur Bedeutung von Aborten

Bei der Interpretation von Abortgeschehen ist allerdings weiterhin Zurückhaltung geboten. Nach aktuellen Untersuchungen des Tiergesundheitsdienstes Bayern zeigten Feten aus Beständen mit akuten bzw. abklingenden SHAV-Infektionen bislang keine charakteristischen histologischen Veränderungen; SHAV selbst wurde nur vereinzelt in Feten nachgewiesen. Diese bisherigen Beobachtungen sprechen dafür, dass zumindest ein Teil der zeitgleich auftretenden Aborte eher im Zusammenhang mit der akuten hochfieberhaften Erkrankung des Muttertieres stehen könnte als mit einer direkten virusbedingten Schädigung des Fetus.

Eine abschließende Bewertung ist damit jedoch ausdrücklich nicht möglich. Auch das Friedrich-Loeffler-Institut weist weiterhin darauf hin, dass derzeit noch nicht abgeschätzt werden kann, ob und in welchem Umfang SHAV-Infektionen tragender Tiere zu fetalen Schäden führen. Aborte, Totgeburten und missgebildete Kälber oder Lämmer aus möglicherweise betroffenen Beständen sollten deshalb weiterhin konsequent diagnostisch untersucht werden.

Diese Entwicklung spiegelt sich inzwischen auch in der Schweizer Überwachungsstrategie wider: Ab Oktober 2026 konzentriert das Institut für Virologie und Immunologie (IVI) die SHAV-Surveillance gezielt auf Aborte sowie missgebildete oder klinisch auffällige Jungtiere. Damit rücken die möglichen zeitverzögerten Folgen einer Infektion während der Trächtigkeit zunehmend in den Mittelpunkt der diagnostischen Aufmerksamkeit.

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 miss-verstanden 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-Infektions-welle 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 nachge-wiesen. 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 Gehirnmateriale 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-Simbu-virus-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](#))

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.

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.

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 gruppieren 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](#))

Fazit

Innerhalb weniger Wochen hat sich aus dem zunächst als „Shamonda-like-Virus“ bezeichneten neuen Erreger ein wesentlich komplexeres epidemiologisches Geschehen entwickelt.

In Deutschland zirkulieren inzwischen zwei genetisch unterscheidbare Shamonda-Virus-Kladen, SHAV-EU1 und SHAV-EU2. Zusammen mit dem enzootischen Schmallenberg-Virus sind damit drei eng verwandte Orthobunyaviren der Simbu-Serogruppe gleichzeitig präsent.

Für adulte Rinder scheint die akute Erkrankung häufig relativ mild und vorübergehend zu verlaufen. Die größere tiermedizinische und möglicherweise wirtschaftliche Bedeutung könnte jedoch in der Reproduktionsmedizin liegen: transplazentare Infektionen, Aborte, Totgeburten und kongenitale Fehlbildungen verdienen in den kommenden Monaten besondere Aufmerksamkeit.

Hinzu kommen Nachweise bei weiteren Tierarten und erstmals neurologische Erkrankungen bei SHAV-infizierten Pferden.

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) - 06.09.2026



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.