

Update zum europäischen Shamonda-Virus (SHAV)

Neben Nachweisen bei Rindern aus Baden-Württemberg, Hessen, Bayern, dem Saarland und Sachsen bestätigte das Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) am 31.08. nun Infektionen mit dem neu eingeschleppten europäischen Shamonda-Virus (SHAV) bei einem Pferd aus Rheinland-Pfalz sowie einem Alpaka aus Hessen. Das aus Rheinland-Pfalz stammende Pferd zeigte vor seinem Tod zentralnervöse Störungen. In der Gehirnprobe des Tieres wurde eine hohe Viruslast festgestellt, was einen Zusammenhang mit dem klinischen Bild wahrscheinlich macht. Das unterscheidet SHAV deutlich vom verwandten Schmallenberg-Virus (SBV), bei dem solche Störungen nicht auftreten. Von Infektionen mit dem Shuni-Virus hingegen, einem weiteren Virus der Simbu-Serogruppe, zu der auch SHAV und SBV gehören, sind neurologische Störungen bei Pferden und Rindern bekannt.

In Proben von Schafen und Ziegen aus Baden-Württemberg, die dem FLI zu Monitoringzwecken zur Verfügung gestellt wurden, wurde ebenfalls SHAV nachgewiesen. Die Ausbreitung bei empfänglichen Tieren in Deutschland hält an, wobei eine exakte und einheitliche Erfassung der Fälle in Deutschland aufgrund fehlender Meldepflichten bisher nicht erfolgt. Daher kann das FLI nicht, wie sonst bei meldepflichtigen Tierseuchen üblich, Verbreitungskarten auf Basis der von den Landesveterinärbehörden ins Tierseuchennachrichtensystem eingetragenen bestätigten Fälle erstellen.

Anfang August 2026 hatte das FLI ein neues Orthobunyavirus aus der Simbu-Serogruppe bei Rindern in Süddeutschland festgestellt. Das Virusisolat Shamonda-Virus/DE/2026 ist eng mit dem Shamonda-Virus verwandt, dass bereits seit den 1960er Jahren bekannt ist. Infektionen mit diesem Virus traten auch in der Schweiz und Frankreich auf. Es wird durch Gnizen übertragen, was die Vermeidung von Infektionen und die Bekämpfung erschwert.

Am 01.09. meldete das FLI ein zweites Einschleppungs- und Ausbreitungsereignis in Deutschland. Sequenzanalysen von PCR-positiven Proben im Nordwesten und Osten Deutschlands hatten gezeigt, dass neben der Variante „Shamonda-Virus/DE/2026“, die seit Juli vor allem in Süddeutschland, der Schweiz und Frankreich auftrat, eine weitere mit dem Shamonda-Virus verwandte Variante vorkommt. Die Rinderproben stammen aus Nordrhein-Westfalen, Niedersachsen, Hessen und Thüringen. Dieses Virus gehört immer noch zur Spezies *Orthobunyavirus Schmallenbergense* der Simbu-Serogruppe und ist mit dem ursprünglich in Afrika und Japan beschriebenen Shamonda-Virus verwandt, zeigt aber eindeutige Unterschiede zur zuerst in der Schweiz, Frankreich und Süddeutschland nachgewiesenen Variante Shamonda-Virus/DE/2026. Zur einfacheren Unterscheidung werden sie nun als Shamonda-Virus Europe 1 (SHAV-EU1) für die erste Variante und Shamonda-Virus Europa 2 (SHAV-EU2) für die zweite Variante bezeichnet.

Es handelt sich daher bei dem derzeitigen Seuchengeschehen um zwei unabhängige Ereignisse, die sich in manchen Bundesländern bereits überschneiden. Zur besseren Einordnung der zweiten Virusvariante laufen derzeit genauere phylogenetische Analysen.

Erste Untersuchungen zeigen aber, dass sich alle drei Genomsegmente des Shamonda-Virus Europa 2 vom SHAV-EU1 unterscheiden. Ob ein ausreichender Kreuzschutz zwischen den beiden Varianten nach Infektion vorliegt, müssen weitere Untersuchungen zeigen. Unbekannt ist derzeit noch das genaue Wirtsspektrum der neuen Variante. Alle positiven Proben für SHAV-EU2 stammen bisher von Rindern. Infektionen mit Shamonda-Virus Europe 1 wurden bislang bei Rind, Alpaka, Pferd, Schaf und Ziege nachgewiesen.

In Deutschland zirkulieren jetzt mit dem Schmollenberg-Virus und den beiden Shamonda-Virus-verwandten Varianten drei Orthobunya-Viren der Simbu-Serogruppe. Es ist daher nicht unwahrscheinlich, dass diese Viren gegenseitig Genomsegmente austauschen und sich entsprechend verändern (reassortieren).

Viren der Simbu-Serogruppe gelten in der Regel nicht als Zoonose-Erreger und stellen nach bisherigem Kenntnisstand kein relevantes Infektionsrisiko für den Menschen dar. Nähere Untersuchungen des Virus, vor allem genomische Analysen weiterer positiver Proben sind notwendig, um die genaue Einordnung von SHAV vorzunehmen, insbesondere im Kontext der Fälle in weiteren europäischen Ländern.

In der Schweiz wurden bislang zwei Fälle bei Pferden bestätigt (siehe verlinkte Meldung der Universitätsklinik Vetsuisse Zürich), in Österreich gibt es bislang keine bestätigten Fälle und in Deutschland seit dem 31.08. keine weiteren bestätigten. Dennoch ist eine weitere Verbreitung des Virus auch beim Pferd möglich und sollte bei Fieber, zentralnervösen Symptomen und Durchfall differentialdiagnostisch in Betracht gezogen werden. Die Tiere sollten symptomatisch behandelt und Proben auf freiwilliger Basis an das FLI geschickt werden, falls betroffene Tiere seziert werden sollten.

Quelle: Website FLI