Erster humaner Erkrankungsfall mit Shamonda-Virus-Infektion in Frankreich

In Frankreich wurde erstmals eine Shamonda-Virus-Infektion (Klade SHAV-EU1) bei einem Menschen nachgewiesen.[1] Es handelt sich um eine stark immunsupprimierte 60- bis 70-jährige Person, die am 23. September 2026 mit neurologischen Symptomen erkrankte und zwei Wochen nach Symptombeginn verstarb.

Hintergrund

Bislang waren Infektionen mit dem Shamonda-Virus (SHAV) nur bei Tieren nachgewiesen worden. Das SHAV ist ein Arbovirus der Gattung *Orthobunyavirus* aus der Simbu-Serogruppe.[2] Weitere Vertreter der Simbu-Serogruppe sind unter anderem Oropouche-, Shuni- und Schmallenberg-Viren. Das SHAV wurde ab den 1960er Jahren in Nigeria nachgewiesen und später auch in weiteren Regionen Afrikas und in Japan.[3] Seit dem Sommer 2026 sind erstmals Infektionen mit SHAV in Nutztierpopulationen in Europa und auch in Deutschland bekannt geworden.[4,5] In Deutschland zirkulierten im Sommer parallel zwei genetisch unterscheidbare SHAV-Kladen: Shamonda-Virus Europe 1 (SHAV-EU1) und 2 (SHAV-EU2).[6] Bei Schafen, Ziegen, Alpakas und Pferden wurde SHAV-EU1 nachgewiesen, bei Rindern sowohl SHAV-EU1 als auch SHAV-EU2. Das Virus kann bei Tieren zu akutem Fieber, Durchfall, einem Einbruch der Milchleistung und bei trächtigen Tieren zu Aborten, Totgeburten oder Fehlbildungen der Nachkommen führen. Neurologische Störungen sind für SHAV-EU1 in Europa z. B. bei Pferden beschrieben.

Die Übertragung erfolgt primär über Gnitzen *(Culicoides)*. Gnitzen der Gattung *Culicoides* sind wenige Millimeter große, einheimische Mücken, die Blutmahlzeiten zur Eiablage benötigen und deren Aktivität im Freien in kalten Monaten eingeschränkt ist.[7,8] Sie nehmen Blut vor allem von Nutztieren, aber auch von Menschen auf. In Mitteleuropa bewegen sie sich sowohl durch aktiven Flug als auch durch passive, windgetragene Verdriftung. Die aktive Ausbreitung erfolgt innerhalb weniger Hundert Meter bis etwa zu zwei Kilometer.[9,10] Die Verdriftung kann über größere Distanzen erfolgen und trägt stark zu einer überregionalen Verbreitungsdynamik von gnitzenübertragenen Infektionskrankheiten bei. So konnten sie bislang schon verschiedene Erkrankungen von Nutztieren verbreiten, darunter die sich seit 2006 in Europa ausbreitende Blauzungenkrankheit und das seit 2011 in Deutschland auftretende Schmallenberg-Virus, für die bislang keine Übertragung auf den Menschen bekannt ist.[11]

Für das vorwiegend in tropischen und subtropischen Regionen Amerikas verbreitete Oropouche-Virus aus der Simbu-Serogruppe ist die Humanpathogenität mit fieberhaften Erkrankungen, seltenen neurologischen Komplikationen und vertikaler Transmission gesichert.[12] Nach größeren Oropouche-Ausbrüchen in Mittel- und Südamerika 2024 werden vereinzelt reiseassoziierte bislang in der Regel mild verlaufende Infektionen mit dem Virus auch in Europa diagnostiziert. Das vor allem in Afrika vorkommende Shuni-Virus kann bei Pferden und Rindern schwere Enzephalitiden sowie bei Wiederkäuern Aborte, Totgeburten und angeborene Fehlbildungen verursachen, während beim Menschen bislang nur vereinzelte Infektionen mit unklarer klinischer Bedeutung dokumentiert sind.[13] Im Gegensatz dazu ist das hauptsächlich in Europa verbreitete Schmallenberg-Virus bislang ausschließlich als Tierpathogen bekannt, ohne Hinweise auf eine Humanpathogenität.[14]

Aktueller Fall

Der aktuelle menschliche Fall in Frankreich wurde in der Fachzeitschrift *Eurosurveillance* veröffentlicht.[1] Symptome der SHAV-Infektion traten am 23. September 2026 auf und beinhalteten Sehstörungen und Verwirrtheit, gefolgt von Fieber, Meningismus, Pyramidenbahnzeichen (pathologische Reflexe), Krampfanfällen und schließlich Koma. Eine MRT-Untersuchung im Verlauf ergab das Bild einer

schweren Enzephalitis. Einen Monat zuvor hatte die Person eine allogene Stammzelltransplantation bei T-Zell-Leukämie erhalten. Die initiale mikrobiologische Routinediagnostik blieb ohne ursächlichen Erregernachweis. SHAV-EU1 wurde mittels Next-Generation-Sequenzierung (NGS) in einer Liquorprobe nachgewiesen und der Nachweis mittels RT-PCR in einer separaten Liquorprobe bestätigt. Zusätzlich gelang die Virusisolierung aus Kleinhirn- und Rückenmarksgewebe. Retrospektive RT-PCR-Untersuchungen wiesen SHAV-EU1-RNA in Serum-, Atemwegs-, Stuhl-, Urin- und Speichelproben nach. In postmortalen Gewebeproben des zentralen Nervensystems wurden zudem hohe Viruslasten festgestellt. Der früheste retrospektive Virusnachweis im Serum zeigte, dass die Person bereits 83 Tage vor Beginn der neurologischen Symptome – und damit auch schon vor der Stammzelltransplantation – infiziert war. Im Juni auftretender Durchfall und Appetitlosigkeit könnten nach Einschätzung der Autorinnen und Autoren erste Symptome der SHAV-EU1-Infektion gewesen sein, da vergleichbare Symptome auch bei infizierten Rindern beobachtet wurden. Das Stammzelltransplantat war PCR-negativ. Als wahrscheinlichster Übertragungsweg wird eine vektorielle Übertragung durch Gnitzen *(Culicoides)* im ländlichen Wohnumfeld der betroffenen Person in der Region Rhône-Alpes vermutet, wo bereits SHAV-EU1-Infektionen bei Tieren nachgewiesen wurden. Eine Übertragung durch Bluttransfusionen oder kontaminierte Lebensmittel gilt als wenig wahrscheinlich. Weitere Untersuchungen zur Abklärung des Infektionsweges laufen in Frankreich. Die Genomanalyse ergab keine Hinweise auf ein *Reassortment* gegenüber den bei Tieren nachgewiesenen SHAV-EU1-Viren. Allerdings wurden mehrere Mutationen identifiziert, die zu Aminosäureaustauschen unter anderem in viralen Oberflächenglykoproteinen führen. Ob diese Veränderungen die Infektion menschlicher Zellen begünstigen könnten, ist bislang unklar.

Epidemiologische Einordnung

Der erste dokumentierte Fall einer SHAV-Infektion beim Menschen zeigt, dass eine Übertragung des offenbar in Europa neu auftretenden Virus auf den Menschen unter den Bedingungen einer starken Immunschwächung möglich ist. Allerdings erlaubt dieser Einzelfall keine Rückschlüsse auf das Ausmaß zoonotischer Übertragungen oder das Risiko für die Allgemeinbevölkerung. Weltweit ist bisher kein weiterer Fall einer SHAV-Infektion beim Menschen bekannt. Die starke Immunsuppression könnte sowohl die erfolgreiche Infektion als auch den schweren Krankheitsverlauf mit Todesfolge verursacht haben. Bisher gibt es keine Hinweise auf weitere klinische Manifestationen beim Menschen oder eine Gesundheitsgefährdung der immunkompetenten Allgemeinbevölkerung. Grundsätzlich könnte durch infizierte Gnitzen eine Exposition gegenüber SHAV-EU1 erfolgen. In Gegenden in denen Wiederkäuer und Pferde gehalten werden, ist die Wahrscheinlichkeit erhöht, dass Gnitzen das Virus tragen. Serostudien in Deutschland, mit denen untersucht wird, ob Menschen Antikörper gegen das Virus aufweisen, laufen derzeit an.

Wir bitten Ärztinnen und Ärzte um erhöhte Aufmerksamkeit und eine Abklärung auf SHAV bei unklaren Fällen von schweren neurologischen Krankheitsverläufen beim Menschen – vor allem solche aus dem Sommer und Frühherbst. Das Zentrum für Biologische Gefahren und Spezielle Pathogene 1 (ZBS1) am Robert Koch-Institut (RKI) bietet eine SHAV-Diagnostik an, mit der humane Verdachtsfälle abgeklärt werden können. Für serologische Untersuchungen am RKI wird Serum, für die molekulare Diagnostik wird EDTA-Blut und/oder Liquor benötigt. Die Untersuchung von weiteren Materialien ist ebenfalls möglich. Für Rückfragen und Informationen zum Probenversand wenden Sie sich bitte an Dr. Daniel Bourquain am Konsiliarlabor für Hantaviren in ZBS1 am RKI (KL-Hantaviren@rki.de). SHAV-Nachweise sollten an das zuständige Gesundheitsamt gemäß § 7 Abs. 1 Satz 1 Nr. 50a IfSG gemeldet und an das RKI übermittelt werden. Bei sonstigen Anfragen zum Shamonda-Virus stehen wir Ihnen unter FG35@rki.de gerne zur Verfügung.

Literatur

1 Bonnet M, Labussiere-Wallet H, Dumez P, Jauffret L, Aubert L, Avondo-Ray A, *et al.* Fatal encephalitis caused by Shamonda virus Europe 1 (SHAV-EU1) in a patient with a severely weakened immune system, France, 2026. Euro Surveill. 2026;31(42).

2 O'Connor TW, Hick PM, Finlaison DS, Kirkland PD, Toribio J. Revisiting the Importance of Orthobunyaviruses for Animal Health: A Scoping Review of Livestock Disease, Diagnostic Tests, and Surveillance Strategies for the Simbu Serogroup. Viruses. 2024;16(2).

3 Walt MV, Rakaki ME, MacIntyre C, Mendes A, Junglen S, Theron C, *et al.* Identification and Molecular Characterization of Shamonda Virus in an Aborted Goat Fetus in South Africa. Pathogens. 2023;12(9).

4 Kelleci M, Fusade-Boyer M, Chretien D, Durand E, Mircovich M, Secula A, *et al.* Detection of a novel Shamonda Orthobunyavirus in dairy cattle, France, June 2026. Euro Surveill. 2026;31(33).

5 Wernike K, Hoffmann B, Link EK, Rotheneder S, Eshak M, Pfaff F, *et al.* Emergence of Shamonda Orthobunyavirus, Central Europe, 2026. Emerg Infect Dis. 2026;32(12).

6 Wernike K, Pfaff F, Zeiske S, Hoper D, Beer M. Two incursions, two viruses: emergence of a second novel Shamonda virus clade, Germany, 2026. Euro Surveill. 2026;31(39).

7 Sick F, Beer M, Kampen H, Wernike K. Culicoides Biting Midges-Underestimated Vectors for Arboviruses of Public Health and Veterinary Importance. Viruses. 2019;11(4).

8 Groschupp S, Kampen H, Werner D. Occurrence of putative Culicoides biting midge vectors (Diptera: Ceratopogonidae) inside and outside barns in Germany and factors influencing their activity. Parasit Vectors. 2023;16(1):307.

9 Kirkeby C, Bodker R, Stockmarr A, Lind P, Heegaard PM. Quantifying dispersal of european culicoides (Diptera: Ceratopogonidae) vectors between farms using a novel mark-release-recapture technique. PLoS One. 2013;8(4):e61269.

10 Kluiters G, Swales H, Baylis M. Local dispersal of palaearctic Culicoides biting midges estimated by mark-release-recapture. Parasit Vectors. 2015;8:86.

11 Koenraadt CJ, Balenghien T, Carpenter S, Ducheyne E, Elbers AR, Fife M, *et al.* Bluetongue, Schmallenberg – what is next? Culicoides-borne viral diseases in the 21st Century. BMC Vet Res. 2014;10:77.

12 Subissi L, Otieno JR, Ruis C, Rabe I, Agrawal A, Abu-Raddad LJ, *et al.* Oropouche virus: transmission, epidemiology, genetic diversity, and public health implications. EClinicalMedicine. 2026;95:103871.

13 Motlou TP, Venter M. Shuni Virus in Cases of Neurologic Disease in Humans, South Africa. Emerg Infect Dis. 2021;27(2):565–9.

14 Ducomble T, Wilking H, Stark K, Takla A, Askar M, Schaade L, *et al.* Lack of evidence for Schmallenberg virus infection in highly exposed persons, Germany, 2012. Emerg Infect Dis. 2012;18(8):1333–5.

Autoren

[a] Dr. Sofia Burdi | [b] Dr. Daniel Bourquain | [a] Christina Frank, PhD | [a] Dr. Bettina Rosner | [a] PD Dr. Hendrik Wilking

[a] Robert Koch-Institut, Abt. 3 Infektionsepidemiologie FG 35 Gastrointestinale Infektionen, Zoonosen und tropische Infektionen

[b] Robert Koch-Institut, Zentrum für Biologische Gefahren und Spezielle Pathogene 1, Konsiliarlabor für Hantaviren

Korrespondenz: FG35@rki.de

Vorgeschlagene Zitierweise

Burdi S, Bourquain D, Frank C, Rosner B, Wilking H: Erster humaner Erkrankungsfall mit Shamonda-Virus-Infektion in Frankreich

Epid Bull 2026;44:17-19 | DOI 10.25646/14600

Open access

Creative Commons Namensnennung 4.0 International