



## Hantavirus-Ausbruch auf einem Kreuzfahrtschiff – eine virologische Einordnung

David Springer

Seit Anfang Mai berichten zahlreiche Medien über einen Hantavirus-Ausbruch im Zusammenhang mit einem Kreuzfahrtschiff. In Anbetracht der hohen medialen Aufmerksamkeit ist es dabei aber wichtig festzuhalten, dass es sich bei dem nachgewiesenen Erreger nicht um ein neues Virus und bei der aufgetretenen Erkrankung nicht um ein unbekanntes Krankheitsbild handelt.

Unter dem Begriff „*Hantavirus*“ versteht man keine einzelne Virusspezies, sondern eine Gruppe von RNA-Viren aus der Familie *Hantaviridae* (Ordnung *Bunyavirales*), die natürlicherweise vor allem bei verschiedenen Nagetieren wie Mäusen und Ratten vorkommen. Diese Viren sind jeweils an spezifische Wirtstiere angepasst, weshalb ihr Vorkommen eng an die Lebensräume und Verbreitung der Tiere gebunden ist. Für den Menschen relevante Infektionen entstehen in der Regel durch Kontakt mit Ausscheidungen von infizierten Tieren (Urin, Kot oder Speichel), beispielsweise durch Einatmen kontaminierter Aerosole. Bei beinahe allen Hantaviren kommt es dabei jedoch zu keiner weiteren Mensch-zu-Mensch-Übertragung. [1-3]

Anhand von Verbreitung und Klinik ist eine Unterscheidung zwischen „Alte-Welt“-Hantaviren in Europa und Asien und „Neue-Welt“-Hantaviren in Nord- und Südamerika hilfreich, da diese typischerweise unterschiedliche

Krankheitsbilder verursachen. „Alte-Welt“-Hantaviren, wie etwa das in Österreich endemische Puumala-Virus sowie das Dobrava-Belgrade-Virus, können Krankheitsbilder mit schwerer Nierenbeteiligung verursachen (hämorrhagisches Fieber mit renalem Syndrom bzw. *Nephropathia epidemica*; [zur Epidemiologie von Puumala- und Dobrava-Virusinfektionen in Österreich siehe bitte hier und VEI 12/2025](#)).

Demgegenüber können „Neue-Welt“-Hantaviren zum sogenannten Hantavirus Pulmonary Syndrome (HPS) führen, das mit einer hohen Letalität von etwa 20–50% einhergeht. Bei diesem kommt es nach einer Inkubationszeit von typischerweise mehreren Wochen zunächst zu einer fieberhaften Prodromalphase, auf die im Vollbild der Erkrankung ein fulminantes Lungenödem und Herzversagen folgen. Pathophysiologisch liegt dem eine durch das Zusammenspiel von Virusinfektion und Immunreaktion vermittelte erhöhte Gefäßpermeabilität zugrunde, insbesondere in der Lunge, was zu einem massiven Flüssigkeitsaustritt und in der Folge zu einem fulminanten kardiorespiratorischen Versagen führen kann. [1, 3]

Unter den Hantaviren nimmt das für den aktuellen Ausbruch verantwortliche, in Südamerika endemische Andes-Virus (ANDV) eine Sonderrolle ein. Zwar wird auch dieses primär von einer Nagetierspezies (die Langschwanz-Zwergreisratte, *Oligoryzomys longicaudatus*) auf den Menschen übertragen. Im Gegensatz zu den anderen Hantaviren ist jedoch seit den 1990er Jahren bekannt, dass das Andes-Virus im begrenzten Ausmaß von Mensch zu Mensch übertragen werden kann. [2, 3].

Sporadische Infektionen mit dem Andes-Virus kommen also regelmäßig vor und haben bereits in der Vergangenheit immer wieder zu kleineren Ausbrüchen mit gesicherten Transmissionsketten von Mensch-zu-Mensch geführt. So kam es beispielsweise 2018/19 in Argentinien zu einem gut untersuchten Ausbruch mit insgesamt 34 Fällen (darunter 11 Todesfälle) und einer Übertragungskette mit vier Folgegenerationen [4]. Dabei zeigte sich ein typisches epidemiologisches Muster mit einer sogenannten Überdispersion: Einzelne infizierte Personen („Superspreader“) verursachten zahlreiche Folgeinfektionen,

während viele Erkrankte keine weiteren Personen ansteckten. Der Ausbruch ließ sich schließlich durch konsequentes Contact-Tracing und Isolation von Kontaktpersonen beenden.

Andesvirus-Ausbrüche sind in ihrer Ausbreitungsgeschwindigkeit unter anderem dadurch limitiert, dass die Inkubationszeit mit im Mittel etwa 20 Tagen relativ lang ist und für eine Übertragung typischerweise enger oder länger andauernder Kontakt erforderlich ist [2, 3]. Die höchste Ansteckungsfähigkeit besteht nach aktuellem Wissensstand unmittelbar bei Symptombeginn [1].

Der aktuelle Ausbruch steht im Zusammenhang mit dem Kreuzfahrtschiff „MV Hondius“, das Anfang April von Südargentinien aus zu einer Expedition in entlegene Regionen des südlichen Atlantiks und der Antarktis aufbrach [2, 5]. Mitte April erkrankte ein Passagier und verstarb kurz darauf, wobei die Ursache zunächst unklar blieb. In den folgenden zwei bis vier Wochen traten bei weiteren Personen infektionstypische Symptome auf, darunter bei der Ehefrau des Indexpatienten sowie beim Schiffsarzt. Insgesamt wurden bislang (Stand 15.05.2026) 11 Fälle registriert, davon 8 laborbestätigt, und drei Todesfälle berichtet [2, 6, 7]; drei weitere Personen sind weiterhin schwer erkrankt bzw. in intensivmedizinischer Behandlung [2, 7].

Der Indexpatient hatte, bevor er das Kreuzfahrtschiff ursprünglich betrat, unter anderem Argentinien und Chile bereist und sich vermutlich dort durch Kontakt mit kontaminierten Nagetierausscheidungen infiziert, wobei der genaue Infektionsort bislang unklar ist. Da die relevanten Reservoir-Ratten typischerweise Wald- oder suburbane Gebiete besiedeln und das Virus im unmittelbaren Abfahrtsort des Schiffes bislang nicht nachgewiesen wurde, ist eine Infektion des Indexpatienten während seiner Reise durch diese Länder wahrscheinlich. Aufgrund des zeitlichen Verlaufs und der bekannten Übertragungsdynamik des Andes-Virus wird allerdings angenommen, dass die weiteren Fälle an Bord des Kreuzfahrtschiffes durch eine Mensch-zu-Mensch-Übertragung entstanden sind [2, 5].

Durch die Abreise von bereits Infizierten, aber noch nicht diagnostizierten Passagieren kamen weitere Personen potentiell mit dem Virus in Kontakt (u.a. an Flughäfen oder in Flugzeugen), unter anderem auch Personen aus Österreich, bei denen jedoch nur ein sehr geringes Übertragungsrisiko angenommen wird [8]. Die entsprechenden Kontaktpersonen wurden von den zuständigen Gesundheitsbehörden der jeweiligen Länder identifiziert und je nach Expositionsrisiko abgesondert oder informiert [7, 8].

Insgesamt zeigt der aktuelle Ausbruch also ein bekanntes Muster: erste Übertragung auf den Menschen hochwahrscheinlich durch das tierische Reservoir, insgesamt wenige Folgefälle durch eine Mensch-zu-Mensch Übertragung, diese vor allem durch einen „Superspreader“, allerdings mit teilweise schwerem Verlauf bei den dabei Infizierten. Das Ungewöhnliche an dem aktuellen Ausbruch ist allerdings, dass er sich auf einem Kreuzfahrtschiff ereignet hat und damit viele internationale Passagiere betroffen sind, die in der Folge auch weitergereist sind, während die meisten früheren Ausbrüche eher die regionale Bevölkerung betroffen haben. Zusammenfassend sprechen die epidemiologischen Faktoren allerdings dafür, dass der aktuelle Ausbruch mit den etablierten Maßnahmen gut beherrschbar sein sollte und kein Hinweis auf eine drohende pandemische Entwicklung besteht.

Am Zentrum für Virologie stehen jedenfalls mehrere Tests zur Aufklärung von Andes-Virus-Verdachtsfällen zur Verfügung. Zum direkten Virusnachweis kann bei begründeten Verdachtsfällen eine spezifische Andesvirus-RT-PCR-Untersuchung (Vollblut/Plasma) angefordert werden, außerdem stehen Hantavirus-IgG und IgM-Antikörpertests (Serum) an unserem Zentrum zur Verfügung.

**Bei Einsendung von Andesvirus-Verdachtsfällen (bzw. Hantavirus-Pulmonary-Syndrom Verdachtsfällen) muss jedoch unbedingt eine telefonische Rücksprache erfolgen (Tel: 01 401 60 655 17)!**

## Referenzen:

1. Vial, P. A.; Harkins, M. Pathogenesis, epidemiology, and diagnosis of hantavirus infections. <https://www.uptodate.com/contents/pathogenesis-epidemiology-and-diagnosis-of-hantavirus-infections> (15.05.2026),
2. WHO Hantavirus cluster linked to cruise ship travel, Multi-country <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2026-DON601> (15.05.2026),
3. Vial, P. A.; Ferrés, M.; Vial, C.; Klingström, J.; Ahlm, C.; López, R.; Le Corre, N.; Mertz, G. J., Hantavirus in humans: a review of clinical aspects and management. *The Lancet. Infectious diseases* **2023**, 23, (9), e371-e382.
4. Martínez, V. P.; Di Paola, N.; Alonso, D. O.; Pérez-Sautu, U.; Bellomo, C. M.; Iglesias, A. A.; Coelho, R. M.; López, B.; Periolo, N.; Larson, P. A.; Nagle, E. R.; Chitty, J. A.; Pratt, C. B.; Díaz, J.; Cisterna, D.; Campos, J.; Sharma, H.; Dighero-Kemp, B.; Biondo, E.; Lewis, L.; Anselmo, C.; Olivera, C. P.; Pontoriero, F.; Lavarra, E.; Kuhn, J. H.; Strella, T.; Edelstein, A.; Burgos, M. I.; Kaler, M.; Rubinstein, A.; Kugelman, J. R.; Sanchez-Lockhart, M.; Perandones, C.; Palacios, G., "Super-Spreaders" and Person-to-Person Transmission of Andes Virus in Argentina. *The New England journal of medicine* **2020**, 383, (23), 2230-2241.
5. Laubscher, F.; Bloemberg, G.; Chudzinski, V.; Cordey, S.; Huber, M.; Pérez-Rodríguez, F.; Pichler, I.; Schibler, M.; Thomasson, V.; G., Z. Complete sequence of Orthohantavirus andesense virus: Swiss resident 2026. <https://virological.org/t/complete-sequence-of-orthohantavirus-andesense-virus-swiss-resident-2026/1023> (15.05.2026),
6. ECDC Andes hantavirus outbreak in cruise ship, 14 May 2026. <https://www.ecdc.europa.eu/en/infectious-disease-topics/hantavirus-infection/surveillance-and-updates/andes-hantavirus-outbreak> (15.05.2026),
7. ECDC ECDC Press Conference - 13 May - Andes hantavirus outbreak. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/ecdc-press-conference-13-may-andes-hantavirus-outbreak> (15.05.2026),
8. ORF Hantavirus: Wiener war mit Infizierter im Flugzeug. <https://wien.orf.at/stories/3354108/> (15.05.2026),