

Definition für die Reinfektion mit SARS-CoV-2

A: Sichere/Bestätigte Reinfektion

Genomsequenz des Virus von vorausgehender SARS-CoV-2-Infektion ist bekannt

UND

Genomsequenz des Virus der aktuellen SARS-CoV-2-Infektion ist bekannt

UND

Genomsequenzen der Viren von vorausgehender und aktueller SARS-CoV-2-Infektion stimmen **nicht** überein.¹

B: Wahrscheinliche Reinfektion

Voraussetzung: Für mindestens eine der beiden bestätigten SARS-CoV-2-Infektionen ist kein Ergebnis der Genomsequenzierung vorliegend oder bekannt.

Person hat nach einer bestätigten SARS-CoV-2-Infektion die akute respiratorische Erkrankung überwunden² oder hatte eine asymptomatische SARS-CoV-2-Infektion

UND

wurde nach der vorausgehenden SARS-CoV-2-Infektion mittels PCR abschließend mindestens einmal negativ getestet **oder** der letzte positive PCR-Nachweis der vorausgehenden Infektion ist länger als 3 Monate zurückliegend

UND

Anzahl der SARS-CoV-2-Genomkopien im Rahmen des aktuellen PCR-Nachweises $\geq 10^6$ /ml oder Ct-Wert < 30

C: Mögliche Reinfektion

Voraussetzung: Weder A noch B treffen zu.

Person hat nach einer bestätigten SARS-CoV-2-Infektion die akute respiratorische Erkrankung überwunden² oder hatte eine asymptomatische SARS-CoV-2-Infektion

UND

wurde nach der vorausgehenden SARS-CoV-2-Infektion mittels PCR abschließend mindestens einmal negativ getestet **oder** der letzte positive PCR-Nachweis der vorausgehenden Infektion ist länger als 3 Monate zurückliegend

UND

Person wurde mittels PCR positiv auf SARS-CoV-2 getestet, aber Anzahl der SARS-CoV-2-Genomkopien im Rahmen des aktuellen PCR-Nachweises $< 10^6$ /ml oder Ct-Wert ≥ 30 oder beide Angaben nicht bekannt

¹ Für den Vergleich zwischen den Genomsequenzen wird die bioinformatische Analyse zugrunde gelegt.

Kriterien, die für das Vorliegen einer Reinfektion sprechen, sind:

- Vorliegen unterschiedlicher genetischer Kladen oder Viruslinien bei aktueller und vorausgehender Infektion
- Die Genomsequenzen unterscheiden sich. Die natürliche (geschätzte) Veränderung des Genoms von SARS-CoV-2 um 2 Nukleotide pro Monat kann zur Orientierung für einen Sequenzvergleich genutzt werden. D.h. für jeden Monat zwischen vermuteter Erstinfektion und Reinfektion ist bei einem Sequenzunterschied von bis zu 2 Nukleotiden eine Reinfektion als unwahrscheinlich anzunehmen.

² Unter einer akuten respiratorischen Erkrankung sind Symptome wie Husten, Halsschmerzen, Schnupfen, akut aufgetretene Kurzatmigkeit oder Fieber zu verstehen. (Bezüglich der Fälle ohne respiratorische Symptomatik gilt das Überwinden der akuten mit COVID-19 vereinbarenden Symptomatik. Symptome wie Geruchs- oder Geschmacksverlust oder allgemeine Abgeschlagenheit, für die häufig ein längerer Verlauf beschrieben ist, sind hiervon ausgenommen, da diese auch nach Abklingen der akuten Symptomatik weiter bestehen können und häufig nicht für eine persistierende Infektion sprechen.)