

### Charakteristik

Die Varianten BQ.1 und BQ.1.1 (B.1.1.529.5.3.1.1.1.1.1/ B.1.1.529.5.3.1.1.1.1.1.1) sind BA.5-Sublinien der Variante BE.1.1. Gemäß WHO ist BQ.1 eine „Omicron subvariant under monitoring“<sup>1</sup>.

In Pangolineages wurden aktuell fünf Subvarianten zu BQ aufgeführt und insgesamt 144 verschiedene BA.5-Subvarianten<sup>2</sup>. **Beide Subvarianten enthalten Mutationen an ihrem SARS-CoV-2 Spike-Protein: K444T, L452R, N460K und F486V.** Die Subvariante BQ.1.1 enthält zusätzlich noch die Mutation R346T. **Anhand des Vorkommens dieser Mutationen wird vermutet, dass diese Virusvarianten Antikörpern, die gegen das SARS-CoV-2-Virus gebildet wurden, entkommen könnten.** Dadurch könnten sie einen Wachstumsvorteil gegenüber BA.5 aufweisen. Ergebnisse einer Preprint-Studie deuten zudem darauf hin, dass BQ.1 und BQ.1.1 die Wirksamkeit von neutralisierenden Antikörpern einer CoronaVac-Impfung signifikant reduzieren können<sup>3</sup>. Die Wirksamkeit anderer Impfstoffe (u.a. mRNA-Impfstoffe) ist noch nicht bekannt<sup>3</sup>.

### Vorkommen

Bislang wurden in Deutschland die Subvarianten BQ.1 und BQ.1.1 selten nachgewiesen, jedoch mit steigender Tendenz<sup>4</sup>. **Gemäß RKI wurden in der 40. Kalenderwoche 27 BQ.1 und 34 BQ.1.1 Genomsequenzdaten übermittelt**<sup>4</sup>. Die meisten Fälle traten in Baden-Württemberg und Bayern auf<sup>5</sup>. **In Mecklenburg-Vorpommern wurden die beiden Sublinien bislang noch nicht nachgewiesen.**

Ihre Anteile an den Fällen sind auch weltweit noch relativ gering, sie nehmen aber derzeit rasch zu. **Global sind ca. 2.200 Sequenzdaten der BQ.1- und 2.000 Sequenzdaten der BQ.1.1-Subvariante in GISAID hinterlegt**<sup>5</sup>. Für Deutschland wurden bisher nur 44 (BQ.1) bzw. 25 (BQ.1.1) Sequenzdaten dieser Subvarianten hinterlegt<sup>5</sup>. Weder für BQ.1 noch für BQ.1.1 sind nach aktuellem Stand Sequenzdaten aus Mecklenburg.-Vorpommern in GISAID hinterlegt worden<sup>5</sup>.

**Aktuell dominiert weiter die Omikron-Variante BA.5 mit ihren zugehörigen Subvarianten das Infektionsgeschehen in Deutschland<sup>4</sup> und in Mecklenburg-Vorpommern<sup>6</sup>. Sie ist damit auch für den derzeitigen Anstieg der Inzidenzen ursächlich.**

### Risiko

**Aufgrund fehlender Tiefenuntersuchungen konnte bisher noch kein gesichertes Risikoprofil erstellt werden.** Bisherige Publikationen sind nur als Preprint, das heißt ohne Peer-Review-Prüfung, vorab veröffentlicht worden. **Es ist jedoch von einem Übertragungs- und Wachstumsvorteil sowie einem verbesserten Umgehen der Immunantwort (nach Impfung/überstandener COVID-19-Infektion) durch die BQ.1/ BQ.1.1-Subvariante im Vergleich zu den bisherigen Omikron-Varianten auszugehen.** Daten des Center for Disease Control and Prevention (CDC) der USA

1 Tracking SARS-CoV-2 variants (who.int)

2 Cov-lineages.org (Stand: 21.10.2022)

3 Cao, Y. doi: 10.1101/2022.09.15.507787

4 RKI – Wöchentlicher COVID-19-Lagebericht vom 20.10.2022

5 cov spectrum (Stand: 21.10.2022)

6 CoMV-Gen Wöchentlicher Bericht vom 21.10.2022

## SARS-CoV-2 in Mecklenburg-Vorpommern: Genetische Analyse und Nachverfolgung

zeigen, dass der Anteil beider Subvarianten zwar gering ist, sich die Infektionszahlen mit diesen Subvarianten jedoch innerhalb einer Woche verdoppelt haben<sup>7</sup>. Ähnlich verhält es sich in UK<sup>8</sup>.

### Bewertung/ Maßnahmen

**Aktuell ist weiter BA.5 für die Situation bestimmend. Die aktuellen Infektionszahlen von BQ.1/1.1. bewegen sich auf einem niedrigen aber stark steigenden Niveau. Aktuelle Maßnahmen sollten sich daher an BA.5 orientieren und das (erwartete) Auftreten neuer Varianten berücksichtigen.** Impfungen gelten weiterhin als sehr zuverlässiger Schutz gegen schwere Infektionsverläufe und Todesfälle. **Auch wenn die Informationen zu beiden Subvarianten bisher gering sind und keine Studien vorliegen, lässt die Ähnlichkeit zu BA.5 eine Schutzwirkung v.a. gegen schwere Infektionen annehmen.**

Aufgrund der Fähigkeit der BQ.1- und BQ.1.1-Subvarianten das Immunsystem des Menschen verstärkt zu umgehen und der kommenden kalten Jahreszeit ist **eine vermehrte Verbreitung der Omikron-Subvarianten BQ.1 und BQ.1.1 auch in Deutschland zu erwarten. Das könnte die jahreszeitliche Dynamik (Winterwelle) verstärken. Neben BQ.1.X sind auch weitere Subvarianten als mögliche Kandidaten für eine Ablösung von BA.5 unter Beobachtung.** Zudem ist von weiteren Mutationen auszugehen.

Ob und in welcher Form sich die beiden Subvarianten gegen die derzeitige BA.5-Variante oder andere Subvarianten durchsetzen werden, bedarf weiterer Untersuchungen und enger Beobachtung. In diesem Zusammenhang ist **die enge, hochauflösende genomische Surveillance, insbesondere durch Sequenzierungen, wie in M-V durch CoMV-Gen realisiert, von besonderer Bedeutung u.a. für die Einschätzung des Pandemieverlaufes.** Nur durch eine rasche Detektion neuer Varianten lassen sich frühzeitig Gegenmaßnahmen zur Eindämmung der Ausbreitung realisieren.

---

<sup>7</sup> <https://covid.cdc.gov/covid-data-tracker/#variant-proportions> (Stand: 17.10.2022)

<sup>8</sup> [https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment\\_data/file/1109820/Technical-Briefing-46.pdf](https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1109820/Technical-Briefing-46.pdf)