



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Sciences



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
DEPARTMENT OF MEDICAL SCIENCES

ข้อมูลการจำแนกตามสายพันธุ์ที่เฝ้าระวัง และการกลายพันธุ์ของเชื้อ

โดย นายแพทย์ศุภกิจ ศิริลักษณ์
อธิบดีกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์

4 เมษายน 2565





การจำแนกสายพันธุ์ที่เฝ้าระวัง

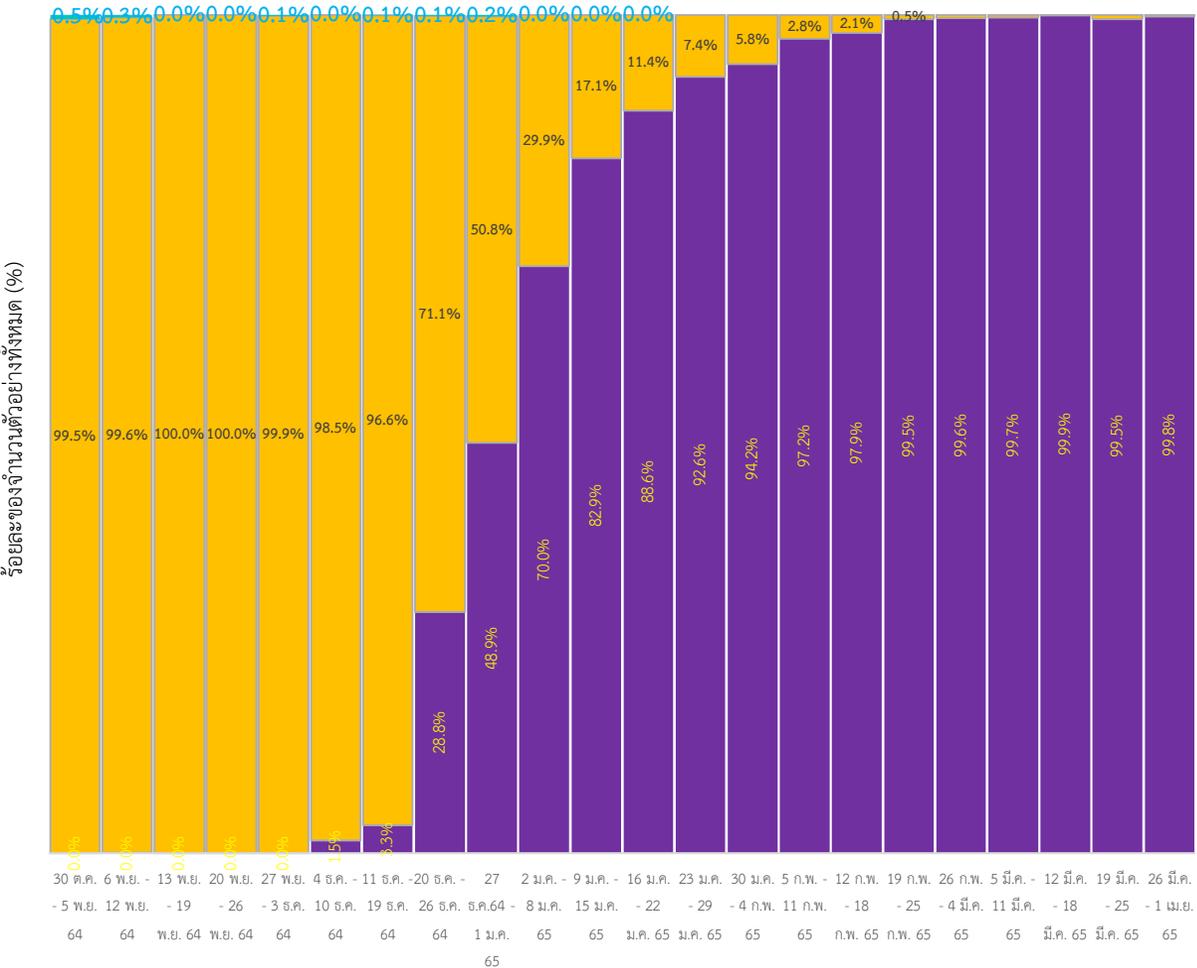
จำนวนผู้ติดเชื้อที่พบจำแนกตามสายพันธุ์สำคัญ (ราย)

เขต สุขภาพ	จำนวนผู้ติดเชื้อที่พบจำแนกตามสายพันธุ์สำคัญ (ราย)											
	B.1.1.7 (Alpha)			B.1.617.2 (Delta)			B.1.351 (Beta)			B.1.1.529 (Omicron)		
	1 พ.ย. 64 ถึง 25 มี.ค. 65	26 มี.ค. ถึง 1 เม.ย. 65	รวม	1 พ.ย. 64 ถึง 25 มี.ค. 65	26 มี.ค. ถึง 1 เม.ย. 65	รวม	1 พ.ย. 64 ถึง 25 มี.ค. 65	26 มี.ค. ถึง 1 เม.ย. 65	รวม	1 พ.ย. 64 ถึง 25 มี.ค. 65	26 มี.ค. ถึง 1 เม.ย. 65	รวม
เขต 1	0		0	579		579	0		0	1356	73	1429
เขต 2	0		0	704		704	0		0	776	45	821
เขต 3	0		0	201		201	0		0	223	15	238
เขต 4	0		0	380		380	0		0	901	67	968
เขต 5	0		0	577		577	0		0	703	95	798
เขต 6	0		0	1524		1524	0		0	4260	290	4550
เขต 7	0		0	537		537	0		0	3093	126	3219
เขต 8	0		0	1553	3	1556	0		0	1606	39	1645
เขต 9	0		0	178		178	0		0	425	43	468
เขต 10	0		0	81		81	0		0	267	26	293
เขต 11	2		2	496		496	1		1	3419	149	3568
เขต 12	13		13	3630		3630	2		2	1530	126	1656
เขต 13	0		0	1013		1013	1		1	11513	836	12349
รวม	15	0	15	11,453	3	11,456	4	0	4	30,072	1,930	32,002
		0.00%	0.03%		0.16%	26.35%		0.00%	0.01%		99.84%	73.61%

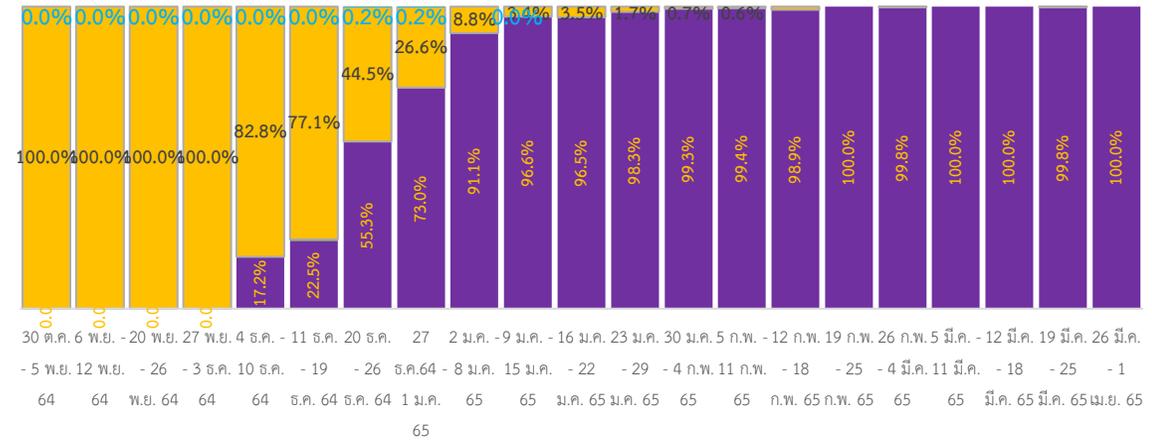
หมายเหตุ : กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์เฝ้าระวังตรวจกลายพันธุ์หลังเปิดประเทศตั้งแต่วันที่ 1 พ.ย. 64 - 1 เม.ย. 2565

สัดส่วนสายพันธุ์ที่เฝ้าระวังแบ่งตามกลุ่มตัวอย่าง : ตั้งแต่เปิดประเทศ (พฤศจิกายน 2564)

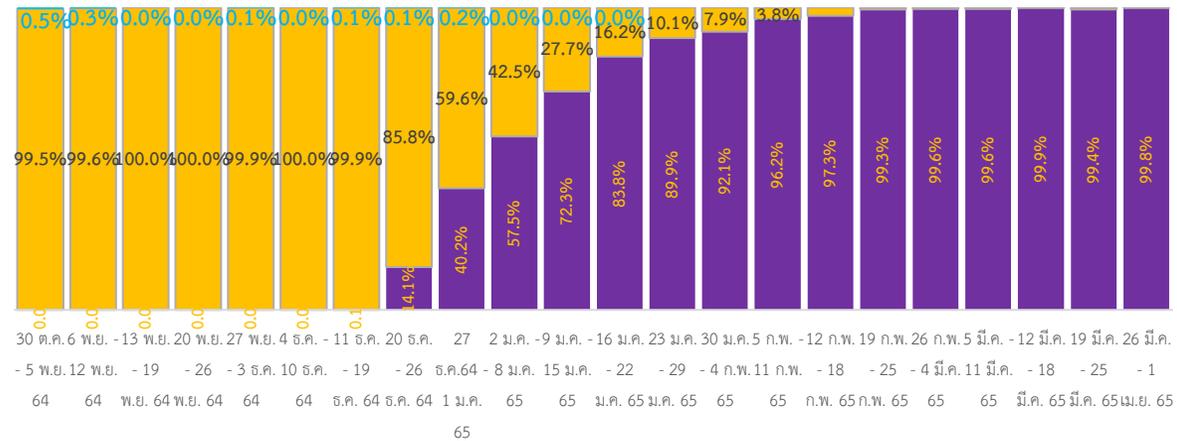
รวมทุกกลุ่ม



กลุ่มผู้เดินทางจากต่างประเทศ



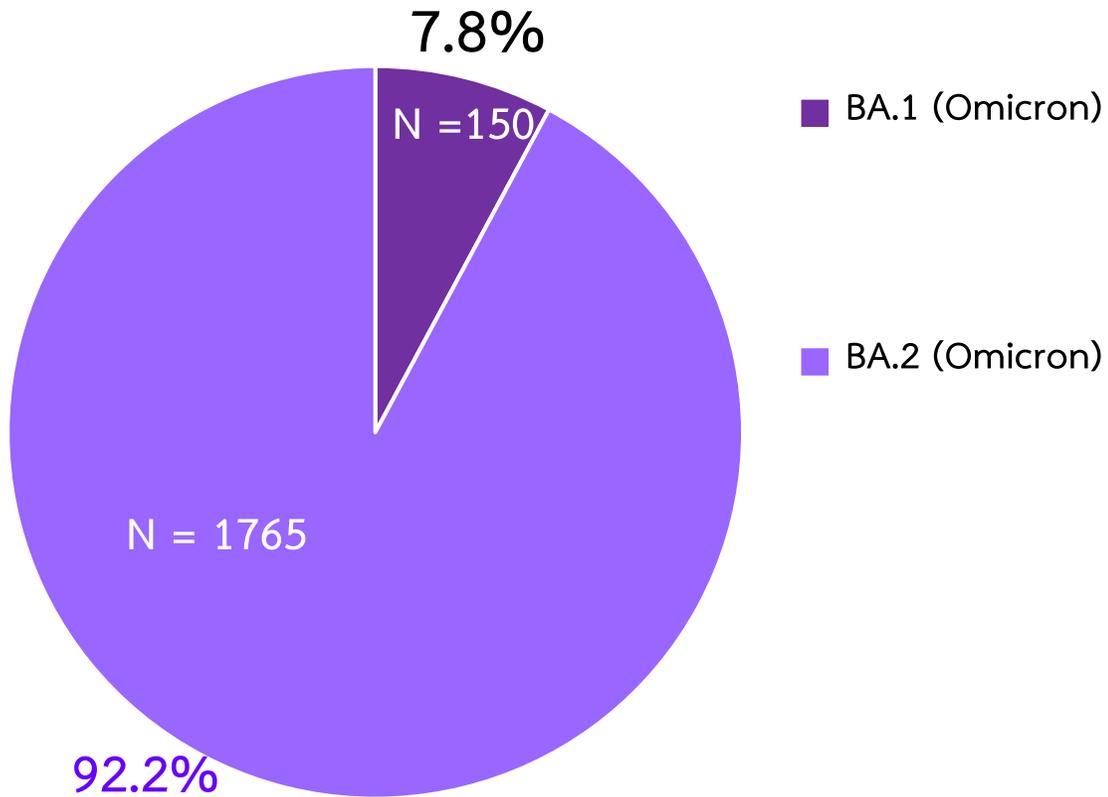
กลุ่มอื่นๆ ในประเทศ



สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย Omicron จาก SNP/Deletion : ระหว่างวันที่ 26 มี.ค. – 1 เม.ย. 65

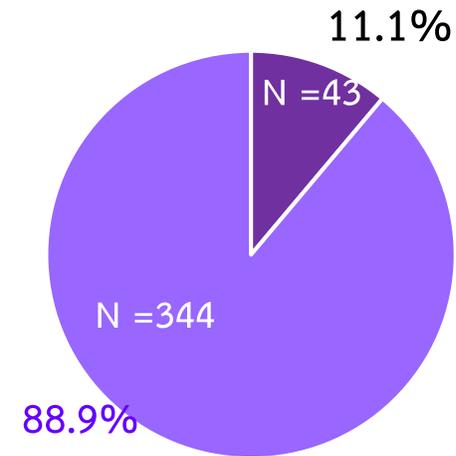
วัตถุประสงค์การตรวจ	Omicron lineage			
	SNP/Deletion (Potentially)			
	B.1.1.529	BA.1	BA.2	Total
กลุ่มผู้เดินทางเข้าราชอาณาจักร (SQ, AQ ,Sandbox, Test and Go)	0	43	344	387
กลุ่มอื่นๆ ภายในประเทศ	15	107	1421	1543
รวมทั้งหมด	15	150	1765	1930

สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย Omicron จาก SNP/Deletion : ระหว่างวันที่ 26 มี.ค. - 1 เม.ย. 65



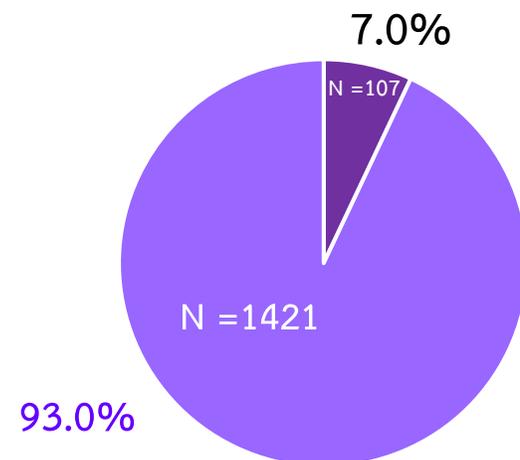
ตัวอย่าง Potentially Omicron ที่แยกสายพันธุ์ย่อยได้ จำนวน 1915 ตัวอย่าง

กลุ่มผู้เดินทางจากต่างประเทศ



จำนวน 387 ตัวอย่าง

กลุ่มอื่นๆ ในประเทศ

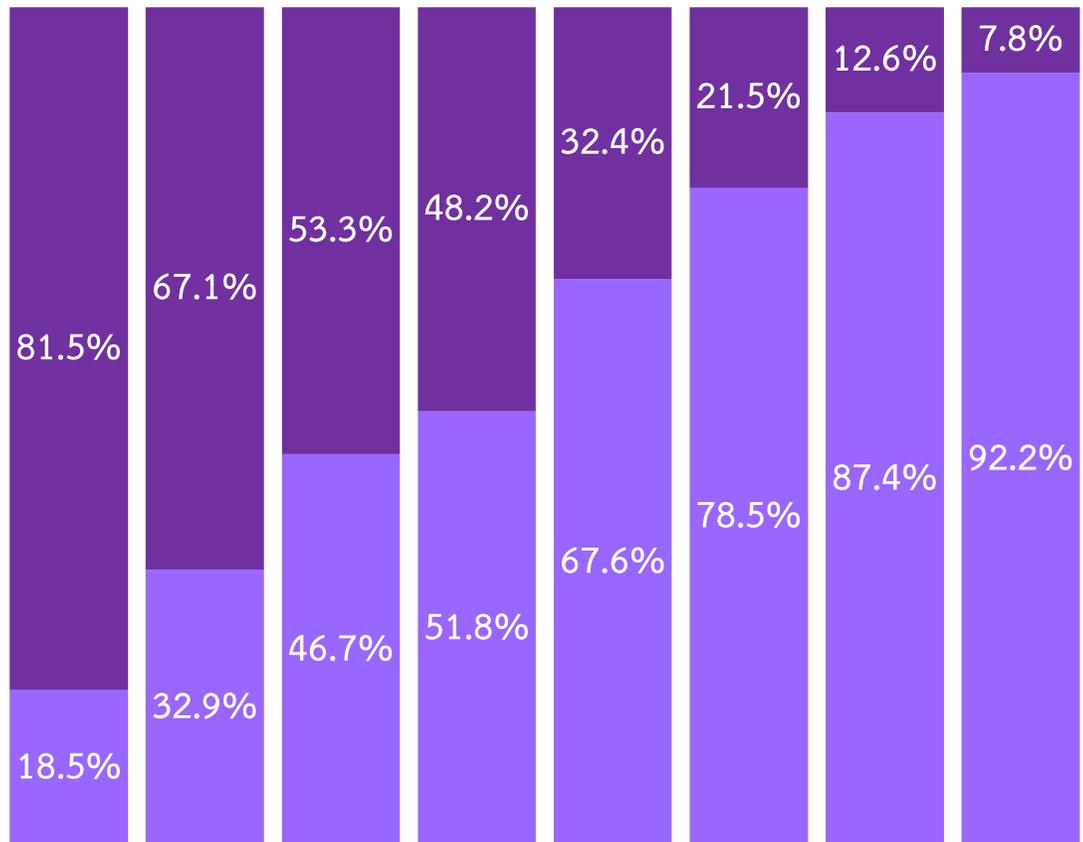


จำนวน 1528 ตัวอย่าง

สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย Omicron จาก SNP/Deletion : ระหว่างวันที่ 26 มี.ค. - 1 เม.ย. 65

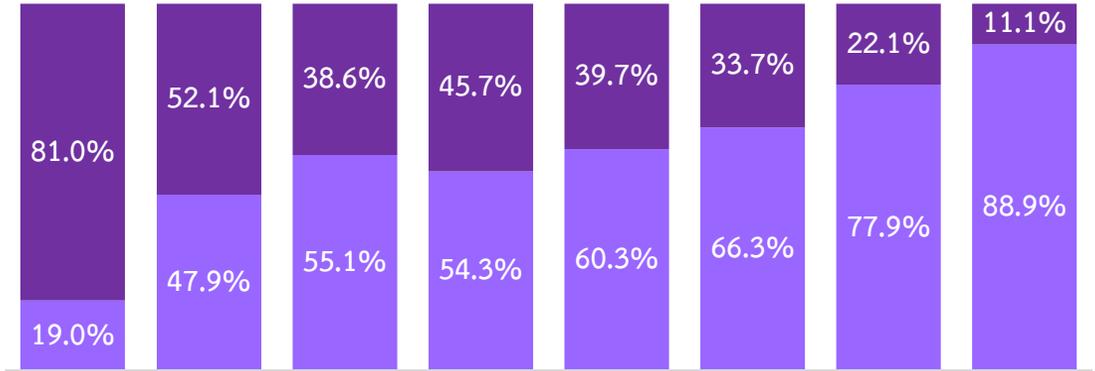
รวมทุกกลุ่ม

ร้อยละของจำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่แยกได้ (%)



ร้อยละของจำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่แยกได้ (%)

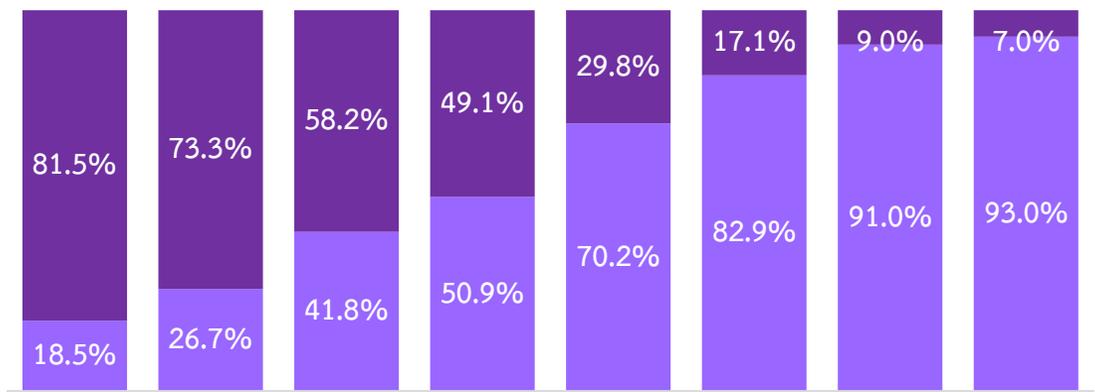
กลุ่มผู้เดินทางจากต่างประเทศ



5 ก.พ. - 11 ก.พ. 65, 12 ก.พ. - 18 ก.พ. 65, 19 ก.พ. - 25 ก.พ. 65, 26 ก.พ. - 4 มี.ค. 65, 5 มี.ค. - 11 มี.ค. 65, 12 มี.ค. - 18 มี.ค. 65, 19 มี.ค. - 25 มี.ค. 65, 26 มี.ค. - 1 เม.ย. 65

กลุ่มอื่นๆ ในประเทศ

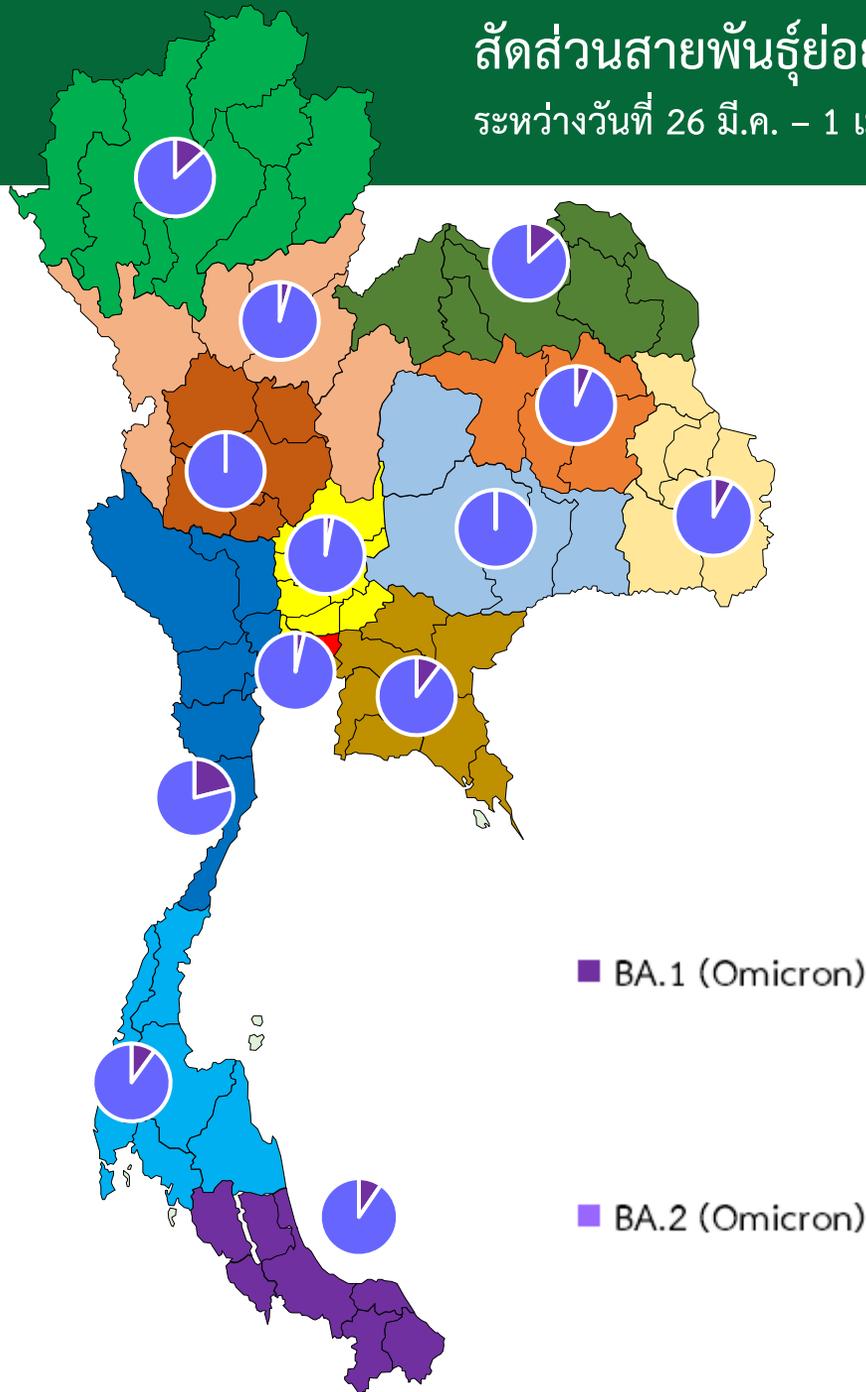
ร้อยละของจำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่แยกได้ (%)



5 ก.พ. - 11 ก.พ. 65, 12 ก.พ. - 18 ก.พ. 65, 19 ก.พ. - 25 ก.พ. 65, 26 ก.พ. - 4 มี.ค. 65, 5 มี.ค. - 11 มี.ค. 65, 12 มี.ค. - 18 มี.ค. 65, 19 มี.ค. - 25 มี.ค. 65, 26 มี.ค. - 1 เม.ย. 65

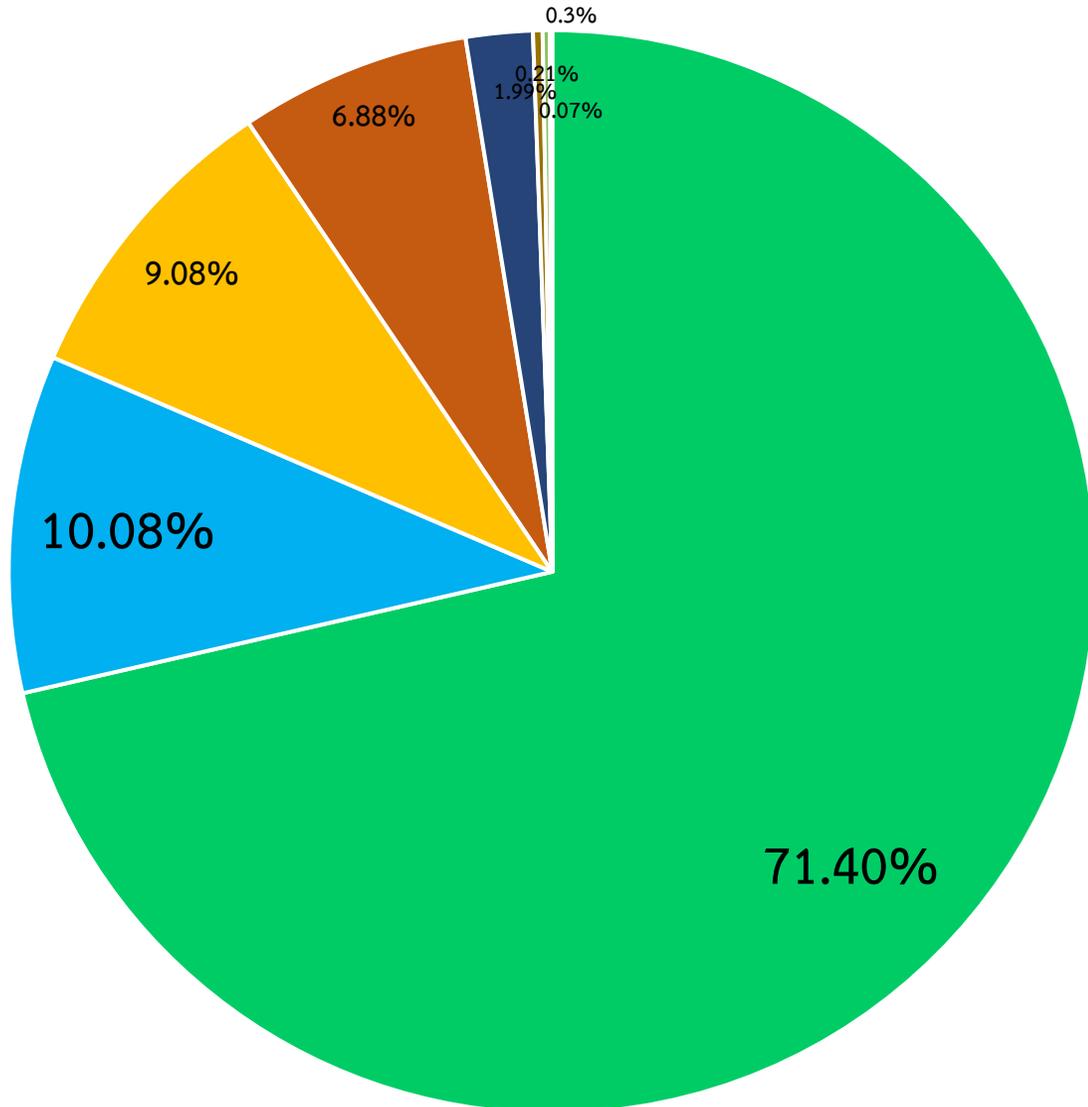
สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย BA.1 และ BA.2 แยกตามเขตสุขภาพ : กลุ่มภายในประเทศ

ระหว่างวันที่ 26 มี.ค. - 1 เม.ย. 65



เขตสุขภาพ	สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย BA.1	สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย BA.2
1	13.11%	86.89%
2	4.44%	95.56%
3	0.00%	100.00%
4	3.03%	96.97%
5	21.05%	78.95%
6	10.28%	89.72%
7	6.35%	93.65%
8	13.16%	86.84%
9	0.00%	100.00%
10	8.00%	92.00%
11	10.00%	90.00%
12	9.52%	90.48%
13	3.67%	96.33%

สัดส่วนของกลุ่มตัวอย่างที่สุ่มตรวจสายพันธุ์ และแยกสายพันธุ์ย่อย Omicron ได้ :ระหว่างวันที่ 26 มี.ค. – 1 เม.ย. 65



- ผู้ติดเชื้อรายใหม่เพื่อสำรวจภาพรวมประเทศ (National prevalence)
- กลุ่มเดินทางมาจากต่างประเทศ (SQ, ASQ, LQ, Sandbox) รวมถึงต่างด้าวลักลอบเข้าเมือง
- กลุ่มที่อาการรุนแรง และ/หรือ เสียชีวิต ทุกราย
- กลุ่มบุคลากรทางการแพทย์
- ลักษณะอื่นๆ ที่สงสัยไวรัสสายพันธุ์ใหม่ เช่น ค่า Ct ต่ำกว่าปกติ
- คลัสเตอร์ใหม่ (คือมีจำนวนผู้ติดเชื้อมากกว่า 50 คนในคลัสเตอร์)
- กลุ่มผู้ที่เคยติดเชื้อมาก่อน (ติดเชื้อซ้ำ)
- กลุ่มผู้ที่ได้รับวัคซีนครบตามเกณฑ์ (fully vaccinated)

N = 1409



สัดส่วนของกลุ่มตัวอย่างภายในประเทศที่สุ่มตรวจสายพันธุ์ และแยกสายพันธุ์ย่อย Omicron ได้ ระหว่างวันที่ 26 มี.ค. – 1 เม.ย. 65

กลุ่มตัวอย่าง	จำนวน ตัวอย่าง	สัดส่วนตัวอย่าง สายพันธุ์ BA.2
ผู้ติดเชื้อรายใหม่เพื่อสำรวจภาพรวมประเทศ (National prevalence)	1006	94.53%
ลักษณะอื่นๆ ที่สงสัยไวรัสสายพันธุ์ใหม่ เช่น ค่า Ct ต่ำกว่าปกติ	28	96.43%
กลุ่มบุคลากรทางการแพทย์	97	91.75%
กลุ่มที่อาการรุนแรง และ/หรือ เสียชีวิต ทุกราย	128	82.03%

Update on Omicron

23 March 2022

Risk assessment for SARS-CoV-2 variant: VUI-22JAN-01 (BA.2)

UK Health Security Agency



UK Health
Security
Agency

Indicator	Red, amber or green status*	Confidence level	Assessment and rationale
			As Omicron (BA.1) was the previous dominant variant in the UK this risk assessment uses the characteristics of BA.1 as the baseline (for example, amber indicates equivalence to BA.1).
Overall growth advantage	Red	High	BA.2 is dominant in England The growth advantage of BA.2 compared to BA.1 is visible in multiple countries with genomic surveillance. The growth advantage in England has stabilised and remains substantial.
Growth advantage 1: Transmissibility	Red	High	It is likely that the transmission characteristics of BA.2 contribute to its growth advantage Preliminary laboratory data suggests an increase in ACE2 binding affinity for the BA.2 receptor binding domain compared to BA.1, which may influence transmissibility. Secondary attack rates are higher for BA.2 than BA.1, including in a preliminary analysis which adjusts for vaccination of cases and contacts. A shorter serial interval is also seen through analysis of contact tracing data.
Growth advantage 2: Immune evasion	Amber	High	Antigenic change between BA.1 and BA.2 is not likely to be the major cause of growth advantage Neutralisation data from UK and international laboratories suggests a small antigenic distance between BA.1 and BA.2. Sera from vaccinated and boosted individuals neutralise both variants similarly, and based on routine testing data, vaccine effectiveness appears similar between BA.1 and BA.2, both for symptomatic disease and hospitalisation. Overall, Omicron lineages are antigenically distant from previous variants and there have been substantial numbers of reinfections throughout the Omicron wave. In the current UK context, the effect of BA.2's antigenic properties on the overall reinfection rate is difficult to distinguish from the effect of the force of infection in the community. A small number of sequence-confirmed reinfections with BA.2 following BA.1 have been identified which are predominantly in unvaccinated individuals. Neutralisation studies also find that protection against BA.2 after BA.1 infection is maintained in previously vaccinated individuals but is lower in those for whom BA.1 is the first exposure to SARS-CoV-2.
Infection severity	Amber	High	BA.2 does not appear to be more severe than BA.1 In preliminary animal data from the UK using SARS-CoV-2 BA.2 virus, there was no evidence of increased virulence for BA.2 compared to BA.1, although international data based on chimeric virus studies is noted. There is no evidence of an increase in hospital attendance or admission for BA.2 compared to BA.1 in England.

* Refer to scale and confidence grading slide.



Update on Recombinant lineages of Omicron by Pangolin:

17 designed variants as XA – XS

3 assigned variants

1. XA: B.1.1.7 + B.1.177
2. XB: B.1.634 + B.1.631
3. XC: AY.29 + B.1.1.7

Lineage	Most common countries	Earliest date	# designated	# assigned	Description	WHO Name
<u>XA</u>	United Kingdom 51.0%, United States of America 42.0%, Czech_Republic 2.0%, Sweden 1.0%, Switzerland 1.0%	2020-12-18	43	88	Recombinant lineage with parental lineages B.1.1.7 and B.1.177, UK lineage	
<u>XB</u>	United States of America 77.0%, Mexico 16.0%, Guatemala 3.0%, Honduras 2.0%, El_Salvador 1.0%	2020-07-08	729	3142	Recombinant lineage with parental lineages B.1.634 and B.1.631, Central and North America lineage, discussed in pango-designation issue #189 . Formally B.1.628	
<u>XC</u>	Japan 100.0%	2021-08-12	17	24	Recombinant lineage with parental lineages AY.29 and B.1.1.7, Japan lineage, from pango-designation issue #263	

Update on Recombinant lineages of Omicron (cont.)

14 designed variants (Not Assigned)

ศูนย์จีโนมทางการแพทย์ รพ. รามาฯ →

กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ →

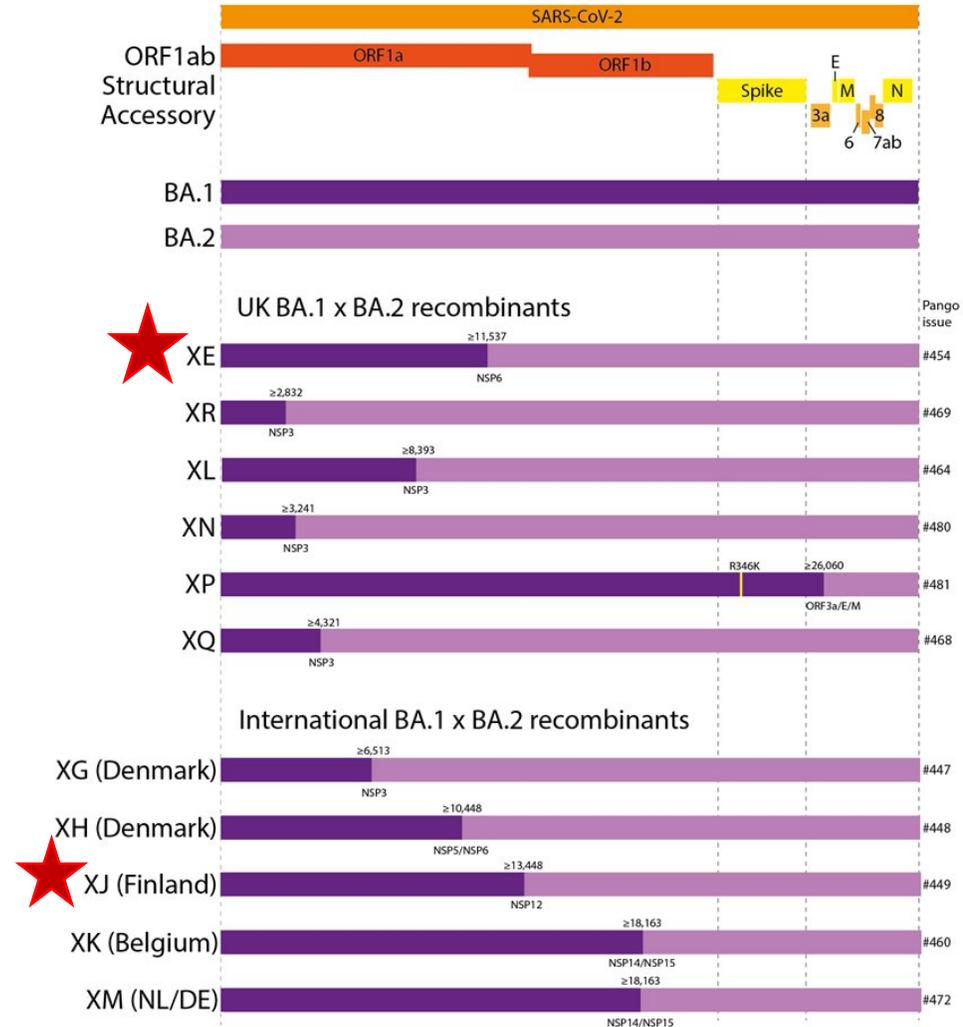
Variant	Parental	Country	Pango issue
XD	Delta + BA.1	France and Denmark	#444
XE	BA.1 + BA.2	UK	#454
XF	Delta + BA.1	UK	#445
XG	BA.1 + BA.2	Denmark	#447
XH	BA.1 + BA.2	Denmark	#448
XJ	BA.1 + BA.2	Finland	#449
XK	BA.1 + BA.2	Belgium	#460
XL	BA.1 + BA.2	UK	#464
XM	BA.1.1 + BA.2	European	#472
XN	BA.1 + BA.2	UK	#480
XP	BA.1.1 + BA.2	UK	#481
XQ	BA.1.1 + BA.2	UK	#468
XR	BA.1.1 + BA.2	UK	#469
XS	Delta + BA.1.1	USA	#471

Update on Recombinant lineages of Omicron (cont.)

Delta + Omicron



Omicron (BA.1) + Omicron (BA.2)



Tom Peacock

@PeacockFlu

Virologist at @Imperial
are intentional.

พบสายพันธุ์ recombinant ใกล้เคียง XJ 1 ราย
ตรวจสอบแล้วพบว่า *ไม่เหมือน* สายพันธุ์ XE ของอังกฤษ



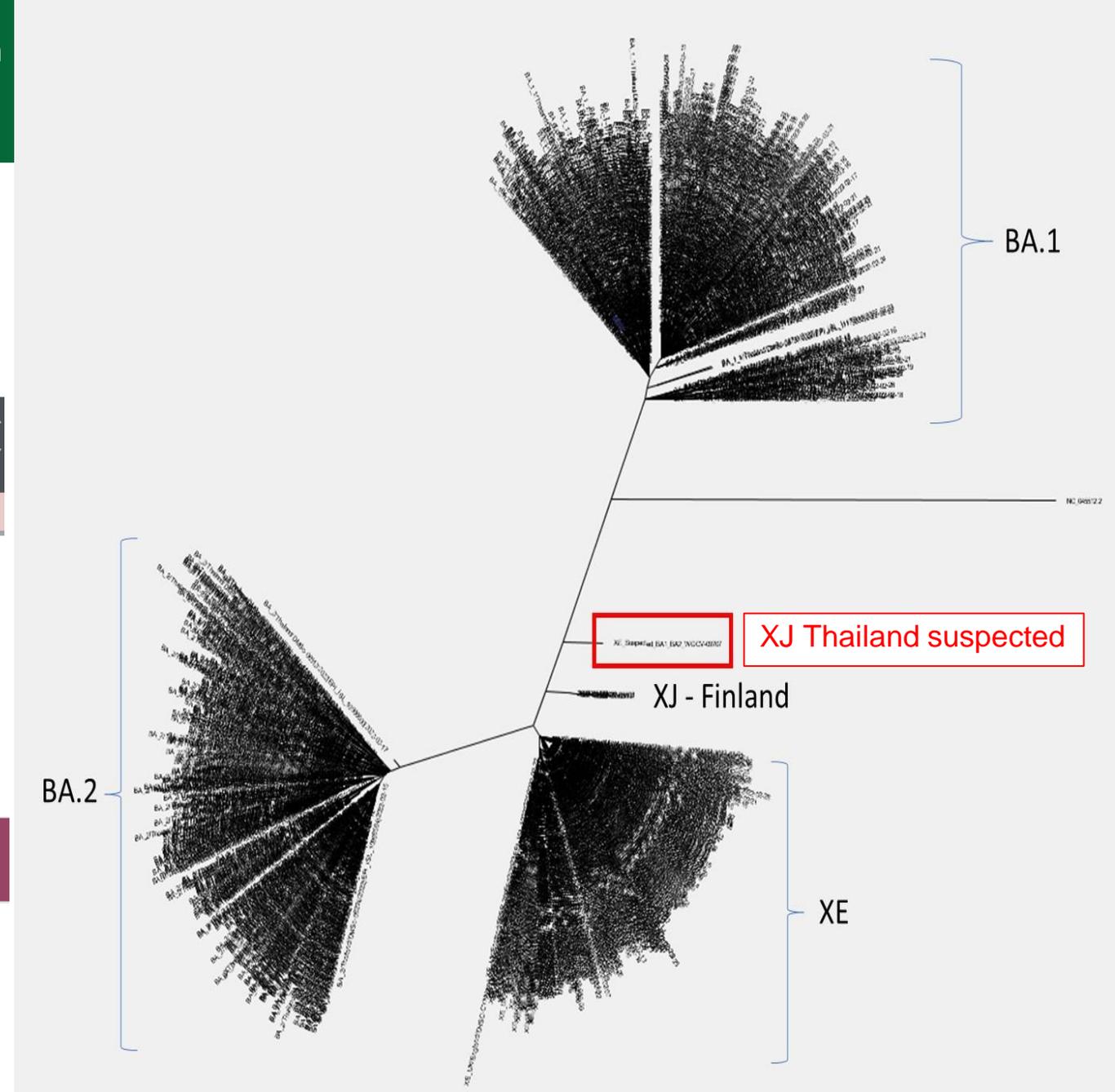
◀ Back Done. Total sequences: 1. Succeeded: 1

Sequence name	QC	Clade	Pango lineage (Nextclade)	Mut.
XE_Suspected_BA1_BA2_WGCV-09707	N M P C F S	recombinant	XJ	63

เพศชาย สัญชาติไทย อายุ 34
อาชีพ พนักงานบริษัทขนส่ง
ตรวจพบเชื้อ วันที่ 22 ก.พ. 2565 รพ. ในกทม.
ฉีดวัคซีน Sinopharm 2 เข็ม

Lineage	Most common countries	Earliest date	# designated	# assigned	Description	WHO Name
XJ			17	0	Recombinant lineage of BA.1 and BA.2, Finland lineage, from pango-designation issue #449	

สายพันธุ์ XJ พบในประเทศฟินแลนด์



Potential BA.1/BA.2 recombinant lineage in Finland [66 seq as of 2022-03-25] #449



Update on Recombinant lineages of Omicron (cont.)

Lineage	Most common countries	Earliest date	# designated	# assigned	Description	WHO Name
---------	-----------------------	---------------	--------------	------------	-------------	----------

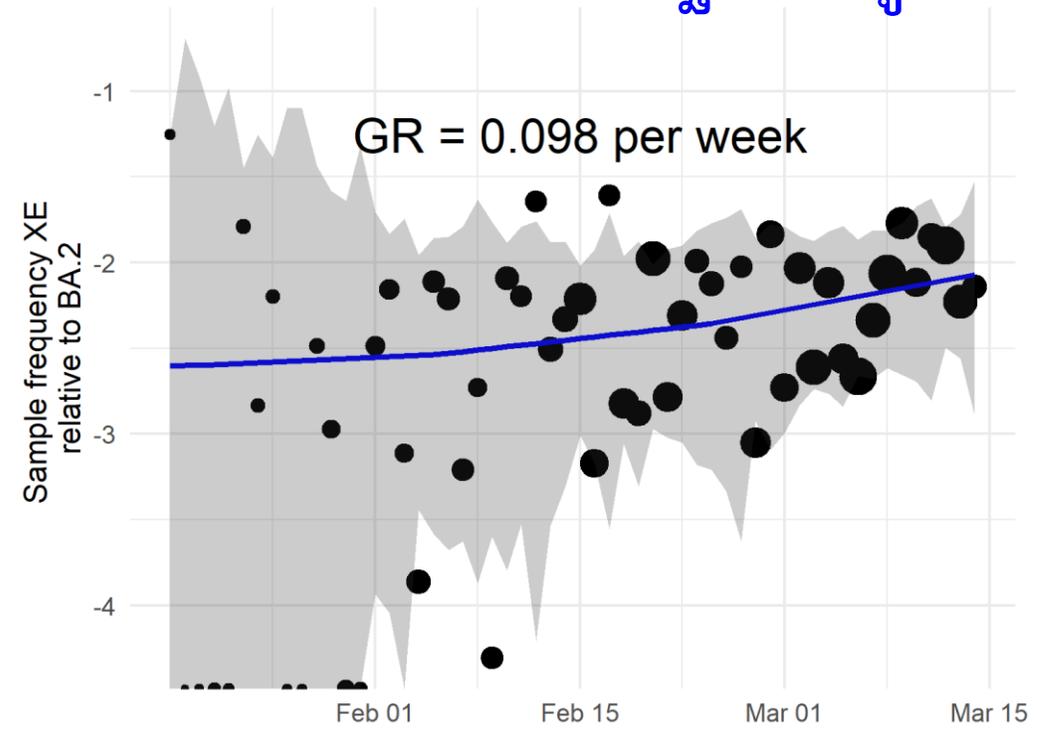
XE

225

0

Recombinant lineage of BA.1 and BA.2, UK lineage, from pango-designation issue [#454](#)

พบ 763 ตัวอย่างในฐานข้อมูล UK



The median growth rate is +9.8% per week



ยังต้องการข้อมูลเพิ่มเติมเพื่อยืนยัน

Sample frequency of XE relative to Omicron (BA.2) over time sampled through Pillar 2 testing

Update on Recombinant lineages of Omicron (cont.)



COVID-19 Weekly Epidemiological Update

Edition 85, published 29 March 2022

WHO กล่าวว่า XE ยังนับว่าเป็นสายพันธุ์ย่อยของ Omicron จนกว่าจะพบว่ามีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญในการแพร่ และความรุนแรงของโรค ซึ่ง WHO กำลังเฝ้าระวังอย่างใกล้ชิด

Recombinant variants

The same process of risk assessment is applied to recombinant variants as for any other emerging variant. Since the [epidemiological update published on 22 March 2022](#), no new evidence indicates that the recombinant variant assigned XD Pango lineage (Delta-Omicron) is associated with higher transmissibility or more severe outcomes. The XE recombinant (BA.1-BA.2), was first detected in the United Kingdom on 19 January and >600 sequences have been reported and confirmed since. Early-day estimates indicate a community growth rate advantage of ~10% as compared to BA.2, however this finding requires further confirmation. XE belongs to the Omicron variant until significant differences in transmission and disease characteristics, including severity, may be reported. WHO continues to closely monitor and assess the public health risk associated with recombinant variants, alongside other SARS-CoV-2 variants, and will provide updates as further evidence becomes available.

ขอบคุณครับ



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
DEPARTMENT OF MEDICAL SCIENCES