



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Sciences



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
DEPARTMENT OF MEDICAL SCIENCES

ข้อมูลการจำแนกตามสายพันธุ์ที่เฝ้าระวัง และการกลายพันธุ์ของเชื้อ

โดย นายแพทย์ศุภกิจ ศิริลักษณ์
อธิบดีกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์

11 กรกฎาคม 2565





การจำแนกสายพันธุ์ที่เฝ้าระวัง

กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Science

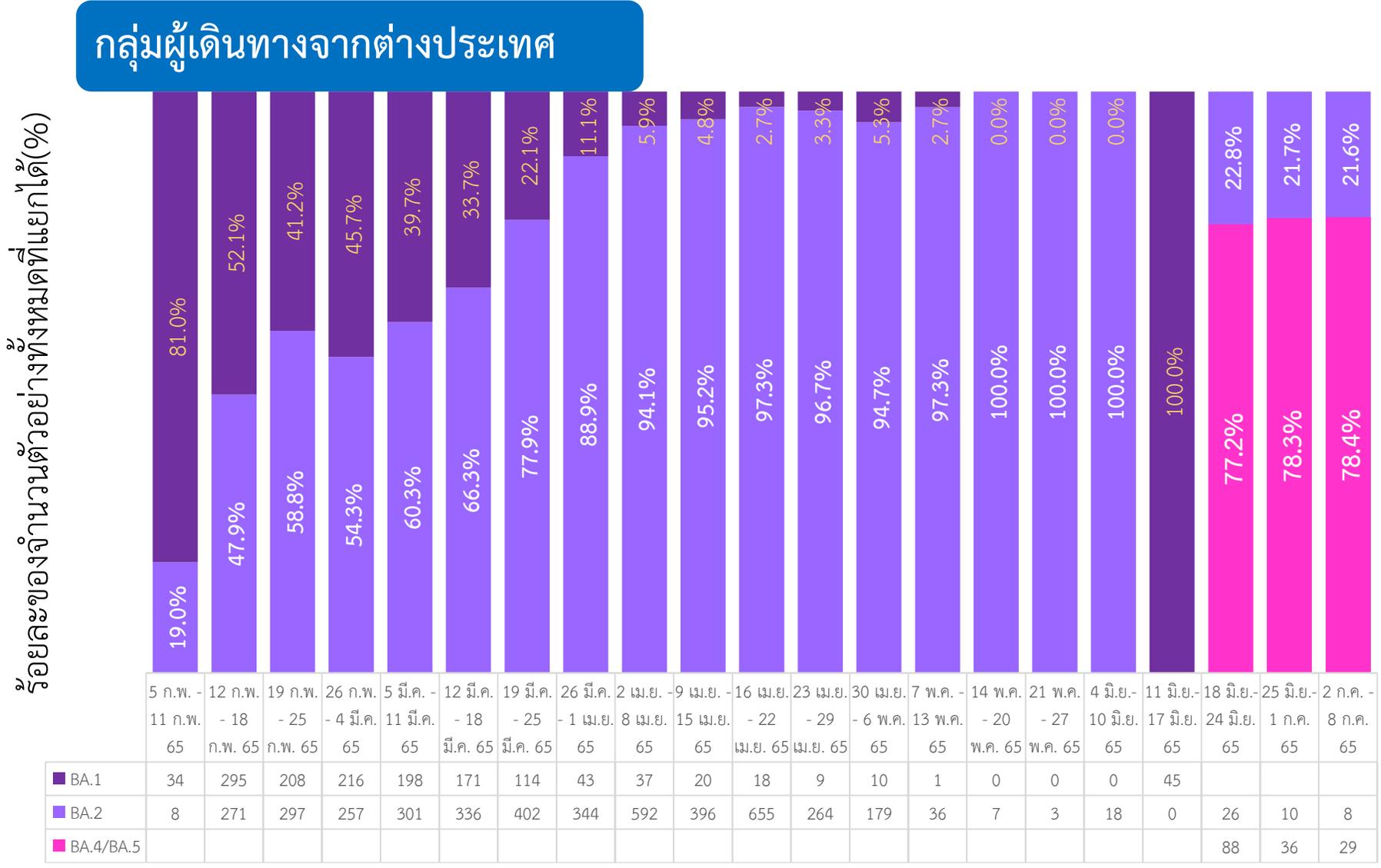
| Health area | จำนวนผู้ติดเชื้อที่พบจำแนกตามสายพันธุ์สำคัญด้วยวิธี realtime RT-PCR (ราย) | | | | | | | | | | | | | | |
|---------------|---|-------------------------------|----------------------------|----------------------------|--------------------|-------|----------------------------|--------------------|--------|---------------------------------|--------------------|-------|---------------------------------|--------------------|--------|
| | Potentially B.1.1.7 (Alpha) | Potentially B.1.617.2 (Delta) | Potentially B.1.351 (Beta) | Potentially BA.1 (Omicron) | | | Potentially BA.2 (Omicron) | | | Potentially BA.4/BA.5 (Omicron) | | | Potentially B.1.1.529 (Omicron) | | |
| | 30 เม.ย. 64 - 8 ก.ค. 65 | | | 5 ก.พ. - 1 ก.ค. 65 | 2 ก.ค. - 8 ก.ค. 65 | Total | 5 ก.พ. - 1 ก.ค. 65 | 2 ก.ค. - 8 ก.ค. 65 | Total | 14 พ.ค. - 1 ก.ค. 65 | 2 ก.ค. - 8 ก.ค. 65 | Total | 1 พ.ย. 64 - 1 ก.ค. 65 | 2 ก.ค. - 8 ก.ค. 65 | Total |
| เขต 1 | 571 | 2438 | 0 | 419 | 2 | 421 | 1155 | 50 | 1205 | 22 | 40 | 62 | 715 | | 715 |
| เขต 2 | 600 | 1109 | 0 | 161 | 3 | 164 | 550 | 12 | 562 | 1 | 4 | 5 | 401 | | 401 |
| เขต 3 | 797 | 1028 | 0 | 64 | | 64 | 192 | 13 | 205 | 0 | | 0 | 116 | | 116 |
| เขต 4 | 644 | 1639 | 0 | 179 | | 179 | 710 | 9 | 719 | 8 | 2 | 10 | 475 | | 475 |
| เขต 5 | 198 | 887 | 0 | 186 | | 186 | 490 | 20 | 510 | 7 | 14 | 21 | 445 | | 445 |
| เขต 6 | 1942 | 7030 | 3 | 782 | | 782 | 2180 | 19 | 2199 | 5 | 19 | 24 | 2658 | | 2658 |
| เขต 7 | 727 | 1771 | 0 | 639 | | 639 | 1225 | 33 | 1258 | 2 | 5 | 7 | 1904 | | 1904 |
| เขต 8 | 586 | 2902 | 5 | 169 | | 169 | 491 | 30 | 521 | 0 | 12 | 12 | 1311 | | 1311 |
| เขต 9 | 158 | 418 | 0 | 57 | | 57 | 326 | 17 | 343 | 7 | 6 | 13 | 329 | | 329 |
| เขต 10 | 80 | 265 | 0 | 66 | | 66 | 301 | 10 | 311 | 0 | 2 | 2 | 106 | | 106 |
| เขต 11 | 403 | 942 | 52 | 646 | | 646 | 1285 | 7 | 1292 | 2 | 16 | 18 | 2413 | | 2413 |
| เขต 12 | 2943 | 4725 | 630 | 211 | | 211 | 946 | 9 | 955 | 13 | 5 | 18 | 944 | | 944 |
| เขต 13 (กทม.) | 4960 | 13649 | 4 | 1686 | | 1686 | 8256 | 54 | 8310 | 815 | 155 | 970 | 6541 | 2 | 6543 |
| รวม | 14,609 | 38,803 | 694 | 5,265 | 5 | 5,270 | 18,107 | 283 | 18,390 | 882 | 280 | 1,162 | 18,358 | 2 | 18,360 |
| | 15.02% | 39.88% | 0.71% | | 0.88% | 5.42% | | 49.65% | 18.90% | | 49.12% | 1.19% | | 0.35% | 18.87% |

หมายเหตุ : ข้อมูลของกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์เฝ้าระวังตรวจจกสายพันธุ์ตั้งแต่วันที่ 30 เม.ย. 64 - 8 ก.ค. 2565

สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย Omicron จาก SNP/Deletion : ระหว่างวันที่ 2-8 ก.ค. 65

| วัตถุประสงค์การตรวจ | Omicron lineage | | | | |
|--|-------------------------------|------|------|-----------|-------|
| | SNP/Deletion (Potentially) | | | | |
| | B.1.1.529 | BA.1 | BA.2 | BA.4/BA.5 | Total |
| กลุ่มผู้เดินทางเข้าราชอาณาจักร (SQ, AQ ,Sandbox, Test and Go) | 0 | 0 | 8 | 29 | 37 |
| กลุ่มอื่นๆ ภายในประเทศ | 2 | 5 | 275 | 251 | 533 |
| รวมทั้งหมด | 2 | 5 | 283 | 280 | 570 |

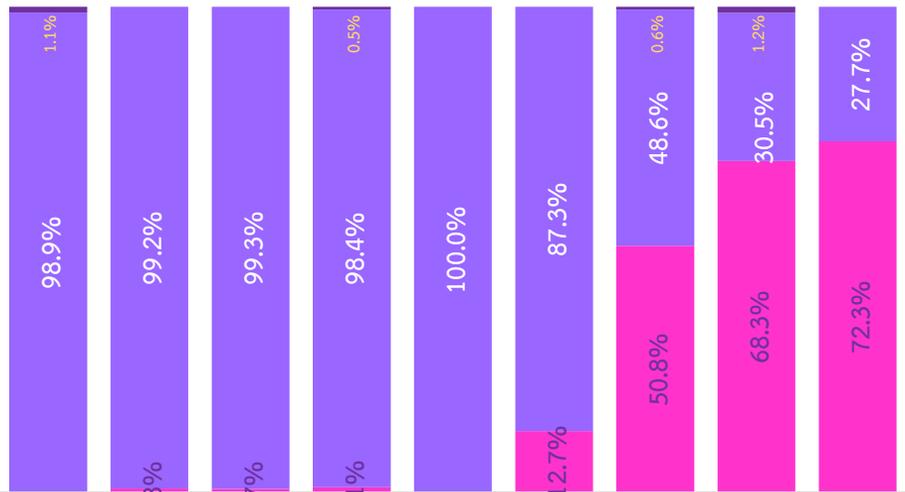
สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย Omicron จาก SNP/Deletion กลุ่มผู้เดินทางจากต่างประเทศ



สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย Omicron จาก SNP/Deletion กลุ่มผู้ติดเชื้อในประเทศ: แบ่งตามพื้นที่ของประเทศไทย ตั้งแต่ พฤษภาคม 2565 (เริ่มพบการระบาดของ สายพันธุ์ BA.4/BA.5)

ร้อยละของจำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่แยกได้ (%)

กรุงเทพมหานคร



| | 7 พ.ค. - 13 พ.ค. 65 | 14 พ.ค. - 20 พ.ค. 65 | 21 พ.ค. - 27 พ.ค. 65 | 28 พ.ค. - 3 มิ.ย. 65 | 4 มิ.ย. - 10 มิ.ย. 65 | 11 มิ.ย. - 17 มิ.ย. 65 | 18 มิ.ย. - 24 มิ.ย. 65 | 25 มิ.ย. - 1 ก.ค. 65 | 2 ก.ค. - 8 ก.ค. 65 |
|-----------|---------------------|----------------------|----------------------|----------------------|-----------------------|------------------------|------------------------|----------------------|--------------------|
| BA.1 | 1 | | | 1 | | | 3 | 7 | |
| BA.2 | 86 | 122 | 137 | 182 | 141 | 200 | 249 | 178 | 49 |
| BA.4/BA.5 | | 1 | 1 | 2 | | 29 | 260 | 398 | 128 |

ร้อยละของจำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่แยกได้ (%)

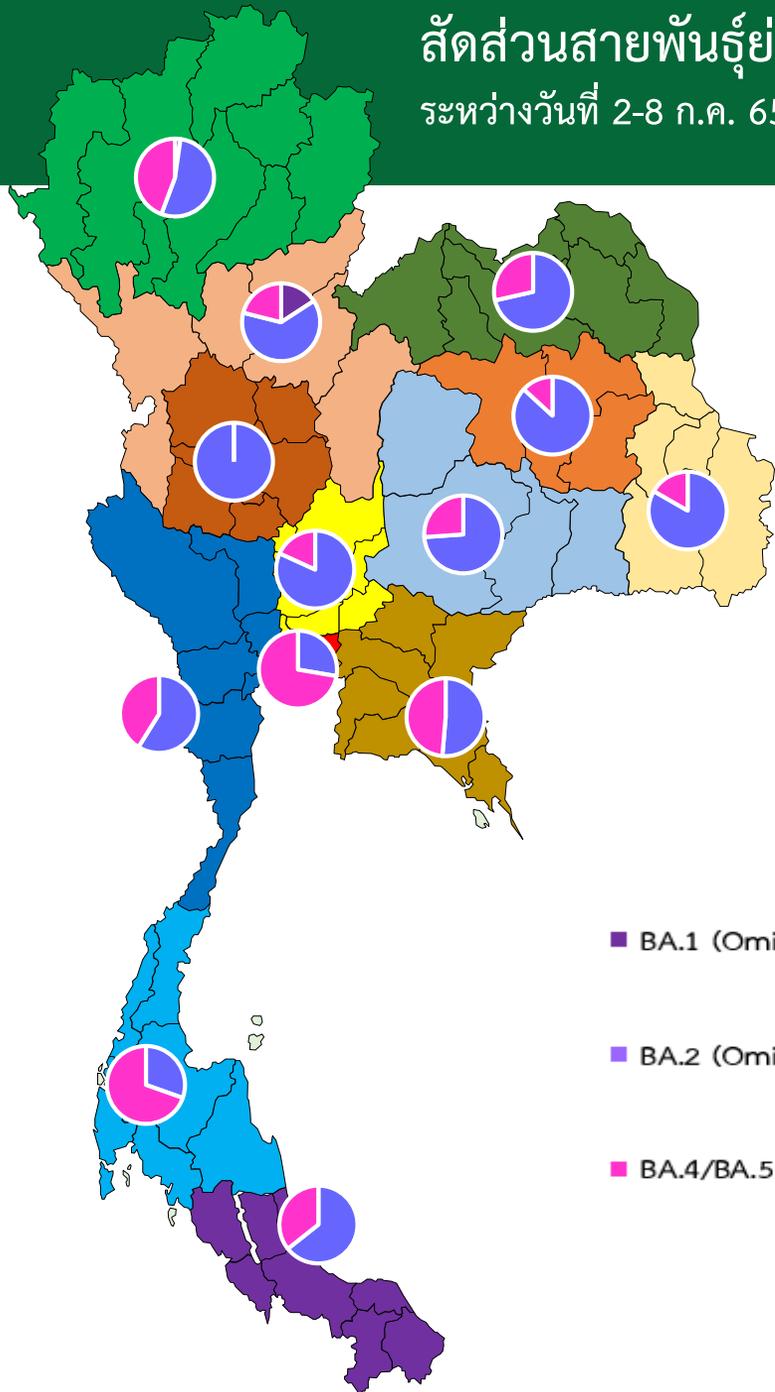
ภูมิภาค



| | 7 พ.ค. - 13 พ.ค. 65 | 14 พ.ค. - 20 พ.ค. 65 | 21 พ.ค. - 27 พ.ค. 65 | 28 พ.ค. - 3 มิ.ย. 65 | 4 มิ.ย. - 10 มิ.ย. 65 | 11 มิ.ย. - 17 มิ.ย. 65 | 18 มิ.ย. - 24 มิ.ย. 65 | 25 มิ.ย. - 1 ก.ค. 65 | 2 ก.ค. - 8 ก.ค. 65 |
|-----------|---------------------|----------------------|----------------------|----------------------|-----------------------|------------------------|------------------------|----------------------|--------------------|
| BA.1 | 2 | 1 | 3 | 1 | 2 | 2 | 2 | 3 | 5 |
| BA.2 | 302 | 272 | 253 | 181 | 237 | 156 | 172 | 259 | 226 |
| BA.4/BA.5 | | | | | | | 12 | 55 | 123 |

สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย BA.1, BA.2, BA.4/BA.5 แยกตามเขตสุขภาพ : กลุ่มภายในประเทศ

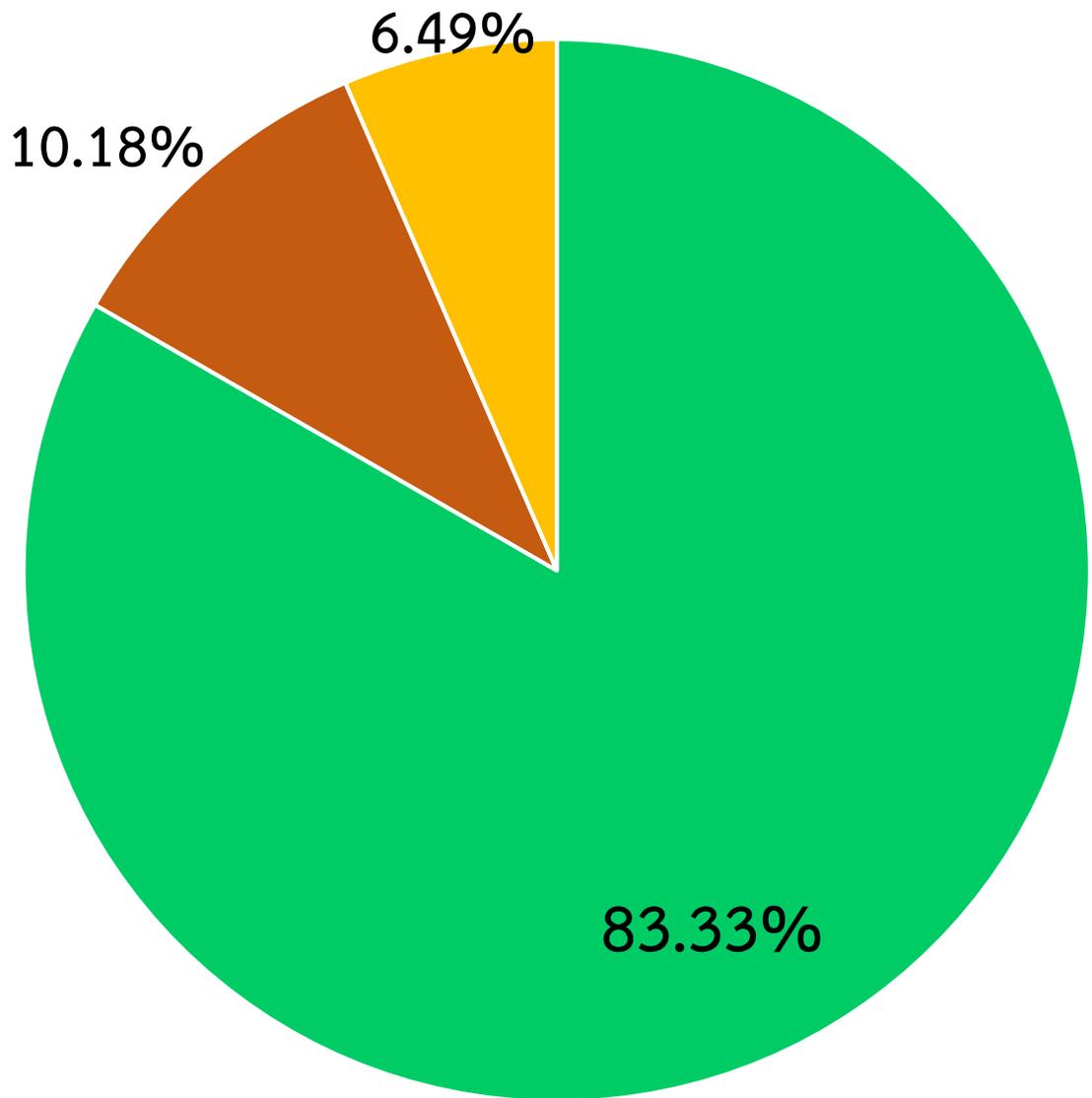
ระหว่างวันที่ 2-8 ก.ค. 65



| เขตสุขภาพ | สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย BA.1 | สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย BA.2 | สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย BA.4/BA.5 |
|-----------|---------------------------|---------------------------|--------------------------------|
| 1 | 2.27% | 53.41% | 44.32% |
| 2 | 15.79% | 63.16% | 21.05% |
| 3 | 0.00% | 100.00% | 0.00% |
| 4 | 0.00% | 81.82% | 18.18% |
| 5 | 0.00% | 58.82% | 41.18% |
| 6 | 0.00% | 51.35% | 48.65% |
| 7 | 0.00% | 86.84% | 13.16% |
| 8 | 0.00% | 71.43% | 28.57% |
| 9 | 0.00% | 73.91% | 26.09% |
| 10 | 0.00% | 83.33% | 16.67% |
| 11 | 0.00% | 30.43% | 69.57% |
| 12 | 0.00% | 64.29% | 35.71% |
| 13 | 0.00% | 27.68% | 72.32% |



สัดส่วนของกลุ่มตัวอย่างที่สุ่มตรวจสายพันธุ์ และแยกสายพันธุ์ย่อย Omicron ได้ :ระหว่างวันที่ 2-8 ก.ค. 65

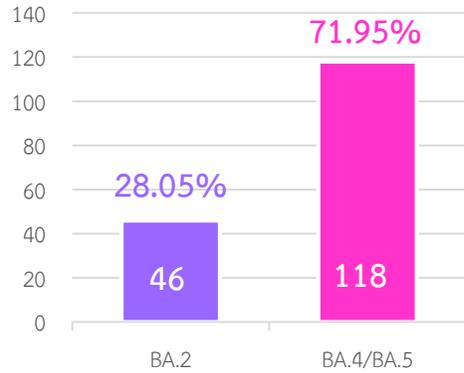


- กลุ่มผู้ติดเชื้อในประเทศ ที่อาการไม่รุนแรง
- กลุ่มที่อาการรุนแรง และ/หรือ เสียชีวิตทุกราย
- กลุ่มเดินทางมาจากต่างประเทศ (SQ, ASQ, LQ, Sandbox) รวมถึงต่างด้าวลักลอบเข้าเมือง

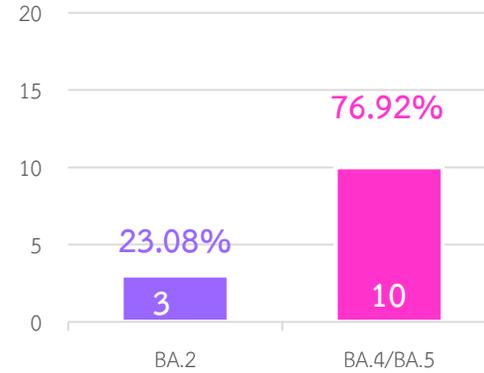
N = 570

สัดส่วนของกลุ่มตัวอย่างภายในประเทศที่สู่มตรวจสายพันธุ์ และแยกสายพันธุ์ย่อย Omicron ได้ :ระหว่างวันที่ 2-8 ก.ค. 65

กรุงเทพมหานคร

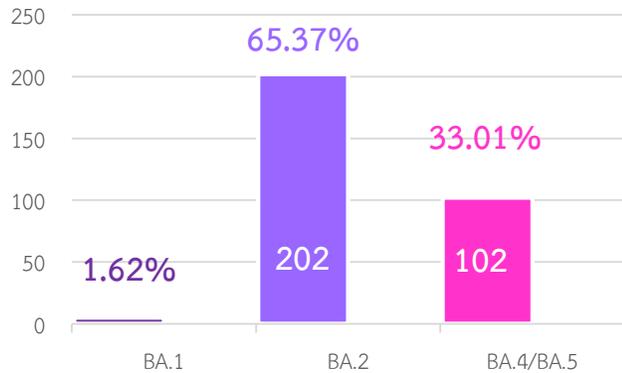


กลุ่มผู้ติดเชื้อในประเทศ
ที่อาการไม่รุนแรง
n = 164

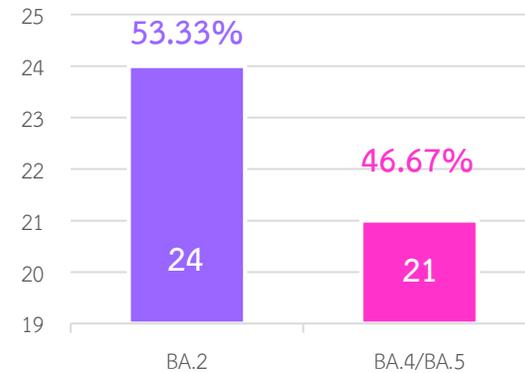


กลุ่มที่อาการรุนแรง และ/
หรือ เสียชีวิตทุกราย
n = 13

ส่วนภูมิภาค



กลุ่มผู้ติดเชื้อในประเทศ
ที่อาการไม่รุนแรง
n = 309



กลุ่มที่อาการรุนแรง และ/
หรือ เสียชีวิตทุกราย
n = 45

- BA.1 (Omicron)
- BA.2 (Omicron)
- BA.4/BA.5 (Omicron)

Global Situation of BA.4, BA.5

| Lineages | Prevalence | | |
|-----------|--------------------|--------------------------|------------------------|
| | Detected countries | Previous week (19-25JUN) | This week (26JUN-6JUL) |
| BA.5 | 83 | 37% | 52% |
| BA.4 | 73 | 11% | 12% |
| BA.2.12.1 | 84 | 19% | 11% |

No evidence yet regarding any change in **severity** with BA.4, BA.5 or BA.2.12.1 as compared to BA.2

Table 3. Summary of phenotypic characteristics* of the Omicron VOC

| Public health domain of impact | Omicron (B.1.1.529) | Omicron sublineages | | | |
|--------------------------------|---|--|---|---|--|
| | | BA.1 | BA.2 | BA.4 | BA.5 |
| Transmissibility | Growth advantage and increased transmissibility compared to Delta ¹ | Lower transmissibility compared to BA.2 ² | Increased transmissibility compared to BA.1 ² | Growth advantage compared to BA.2 ² | Growth advantage over BA.2 ² |
| Disease severity | Overall evidence suggests lower severity despite some conflicting results. Earlier studies reported lower severity compared to Delta. ³⁻⁷ However, more recent studies in different settings reported similar ^{8,9} or increased severity ¹⁰ compared to Delta. ^{3-7,11 12} | No difference in disease severity compared to BA.2 ¹³ | No difference in disease severity compared to BA.1 ¹³ | Currently available evidence does not suggest a difference in disease severity compared to BA.1 ¹⁴ | Currently available evidence does not suggest a difference in disease severity compared to BA.1 ^{15,16} |
| Risk of reinfection | Reduced risk of Omicron reinfection among individuals previously infected with a different SARS-CoV-2 variant compared to naïve individuals ^{17,18} | Reduced risk of reinfection with BA.1 following infection with BA.2 ¹⁹ | Reduced risk of reinfection with BA.2 following infection with BA.1 ¹⁹ | No specific data available | No specific data available |
| Impact on antibody responses | Reduction in neutralizing activity as compared to other VOCs ²⁰⁻²² | Lower neutralising antibody titers compared to the index virus ²¹ | Lower neutralising antibody titers compared to the index virus ²¹ | Lower neutralising antibody titres (7.6-fold) compared to BA.1 ²³⁻²⁵ | Lower neutralising antibody titres (7.5-fold) compared to BA.1 ^{23,25} |
| Impacts on diagnostics | PCR assays that include multiple gene targets maintain their accuracy to detect Omicron ²⁶ ; S gene target failure/positivity (SGTF) may be a proxy for screening. Limited to no impact on sensitivity of Ag-RDTs observed ²⁷⁻³⁰ | S gene target failure. | The majority will be S gene target positive (SGTP). | S gene target failure. | S gene target failure. |
| Impact on treatment | No difference in the effectiveness of antiviral agents (polymerase and protease inhibitors) against the Omicron variant ³¹ . Conserved neutralizing activity for three broadly neutralizing monoclonal antibodies (sotrovimab, S2X259 and S2H97) and a reduced effectiveness of other monoclonal antibodies ³²⁻³⁵ | Reduced efficacy of cilgavimab ³⁶ and casirivimab-imdevimab ³⁷ | Reduced neutralising activity of sotrovimab ^{36, 37} , casirivimab and imdevimab ³⁸ | Reduced neutralising activity of cilgavimab ³⁸ , casirivimab and imdevimab ³⁸ | Reduced neutralising activity of cilgavimab ³⁸ , casirivimab and imdevimab ³⁸ |
| Impact on vaccination | Results of vaccine effectiveness (VE) studies should be interpreted with caution because estimates vary with the type of vaccine administered and the number of doses and scheduling (sequential administration of different vaccines). For further information, see the section Interpretation of the results of the VE for the Omicron variant. | | | | |



22 June 2022 Risk assessment for SARS-CoV-2 variants VOC-22APR-03 and VOC-22APR-04 UK Health Security Agency

| Indicator | Red, amber, or green status* | Confidence level | Assessment and rationale |
|---|------------------------------|---------------------------------|--|
| | | | The risk assessment is presented in comparison to the current predominant variant (BA.2). Red indicates the assessed variant as worse than BA.2 in a characteristic, amber equivalent, green improved. The laboratory data includes published data and data supplied by Variant Technical Group (VTG) members (UKHSA, the Genotype to Phenotype Consortium, Oxford University, the Office for National Statistics and SIREN) which has been reviewed by VTG but is unpublished. |
| Overall growth advantage | Red | High | Evidence of a growth advantage compared to BA.2 BA.4 and BA.5 are now likely to be dominant in England. There is now an associated overall increase in coronavirus (COVID-19) incidence. The growth advantage is also evident in multiple other countries, including those with prior BA.2 waves similar to the UK. |
| Growth advantage 1: Transmissibility | | Insufficient information | Insufficient data There is no direct data on transmissibility and there is no current ability to measure this directly from surveillance data. Based on data reported to VTG, ACE2 binding is increased for BA.4 and BA.5 compared to prior Omicron variants. |
| Growth advantage 2: Immune evasion | Red | Moderate | There is evidence of some antigenic change compared to BA.2, based on laboratory data (moderate confidence); insufficient data to assess vaccine effectiveness BA.4 and BA.5 are most closely related to BA.2. Structural modelling indicates there is likely to be antigenic change compared to BA.1 and BA.2, which may affect the binding of neutralising antibodies. Neutralisation data from prior Omicron infections (human or hamster) shows neutralisation of BA.4 is substantially reduced using BA.1 antisera but there is a more moderate drop in neutralisation by BA.2 specific antisera. Sera from triple vaccinees shows similar or lower neutralisation for BA.4 compared to BA.2 or BA.1. Sera from vaccinees with BA.1 or BA.2 breakthrough infections shows better cross reactivity against BA.4, although there is variation in the data. There is evidence from 2 national surveillance studies of ongoing reinfection, including after prior Omicron variant infection. There is insufficient data for a robust assessment of vaccine effectiveness but in population and survey data there were no early indicators of a large change. The current epidemiological data, whilst incomplete, is consistent with the neutralisation findings. |
| Infection severity | | Low | In vitro data suggests similarity to previous Omicron variants; epidemiological data requires close monitoring There has been an increase in people admitted to hospital with COVID-19 in England. Whilst this accompanies an increase in incidence generally, early analysis suggests that the infection hospitalisation rate may be increasing from its low base of approximately 0.3% across all age groups. The reason for any observed increase in IHR is unclear. The properties of BA.4 and BA.5 as assessed in vitro are approximately in keeping with those of other Omicron variants, although it is possible, based on preliminary data, that there have been small changes in phenotype compared to BA.2. These require further confirmation and assessment of clinical significance. Countries which have experienced BA.4 and BA.5 waves have not experienced apparent high severity of disease and hospitalisation rates have tended to remain lower than previous waves. |

* Refer to scale and confidence grading slide.



งานวิจัยด้านความรุนแรงผลจาก ห้องปฏิบัติการ

Virological characteristics of the novel SARS-CoV-2 Omicron variants including BA.2.12.1, BA.4 and BA.5

Izumi Kimura, Daichi Yamasoba, Tomokazu Tamura, Naganori Nao, Yoshitaka Oda, Shuya Mitoma, Jumpei Ito, Hesham Nasser, Jiri Zahradnik, Keiya Uriu, Shigeru Fujita, Yusuke Kosugi, Lei Wang, Masumi Tsuda, Mai Kishimoto, Hayato Ito, Rigel Suzuki, Ryo Shimizu, MST Monira Begum, Kumiko Yoshimatsu, Jiei Sasaki, Kaori Sasaki-Tabata, Yuki Yamamoto, Tetsuharu Nagamoto, Jun Kanamune, Kouji Kobiyama, Hiroyuki Asakura, Mami Nagashima, Kenji Sadamasu, Kazuhisa Yoshimura, Jin Kuramochi, Gideon Schreiber,  Ken J Ishii, Takao Hashiguchi, The Genotype to Phenotype Japan (G2P-Japan) Consortium, Terumasa Ikeda,  Akatsuki Saito, Takasuke Fukuhara,  Shinya Tanaka, Keita Matsuno, Kei Sato

doi: <https://doi.org/10.1101/2022.05.26.493539>

This article is a preprint and has not been certified by peer review [what does this mean?].

- การกลายพันธุ์ที่ตำแหน่ง L:Leucine 452 เปลี่ยนเป็น R:Arginine (BA.4/BA.5) หรือ Q:Glutamine (BA.2.12.1) หรือ M:Methionine (BA.2.13) บน spike protein ทำให้เพิ่มประสิทธิภาพในการเพิ่มจำนวนของไวรัส
- BA.4/5 ดื้อต่อภูมิคุ้มกันจากการติดเชื้อ BA.1 และ BA.2
- BA.2.12.1 and BA.4/5 มีประสิทธิภาพในการแพร่กระจายในเซลล์ปอดของมนุษย์มากกว่า BA.2
- ผลการทดลองในหนูทดลอง พบว่า BA.4/5 ทำให้หนูทดลองป่วยหนักกว่า BA.2

1. จากข้อมูลการเฝ้าระวังสายพันธุ์พบว่า BA.4/BA.5 มีแนวโน้มเพิ่มขึ้น โดยพบในเขตกรุงเทพมหานคร ในสัดส่วน ที่สูงกว่าในส่วนภูมิภาค
2. ข้อมูลเบื้องต้นพบว่า BA.4/BA.5 มีความรุนแรงมากกว่า BA.1 BA.2 แต่จำนวนตัวอย่างที่ส่งตรวจยังมีจำนวนไม่มากพอที่จะสรุป จึงต้องเก็บตัวอย่างเพื่อตรวจเพิ่มเติมต่อไป
3. ดังนั้น มาตรการส่วนบุคคล (ใส่หน้ากาก ล้างมือ เว้นระยะห่าง หลีกเลี่ยงกิจกรรมที่มีความเสี่ยงการรับและแพร่เชื้อ) ยังมีความจำเป็น
4. การฉีดวัคซีนเข็มกระตุ้นตามข้อแนะนำ ยังสามารถป้องกันอาการรุนแรงและการเสียชีวิตได้

ขอบคุณครับ



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
DEPARTMENT OF MEDICAL SCIENCES