



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Sciences

ข้อมูลการจำแนกตามสายพันธุ์ที่เฝ้าระวัง และการกลายพันธุ์ของเชื้อ

โดย นายแพทย์ศุภกิจ ศิริลักษณ์
อธิบดีกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์

26 มกราคม 2565





กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Ministry of Public Health

การจำแนกสายพันธุ์ที่เฝ้าระวัง

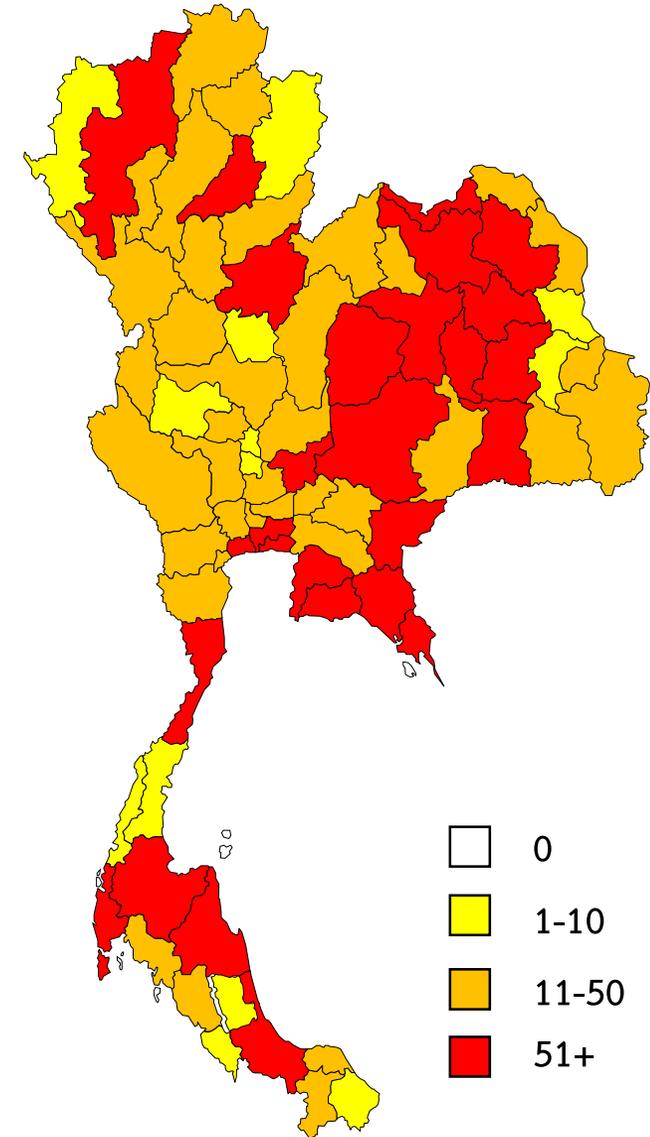
จำนวนผู้ติดเชื้อที่พบจำแนกตามสายพันธุ์สำคัญ (ราย)

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 22 ม.ค. 65	23 ม.ค. ถึง 25 ม.ค. 65	รวม	1 พ.ย. 64 ถึง 22 ม.ค. 65	23 ม.ค. ถึง 25 ม.ค. 65	รวม	1 พ.ย. 64 ถึง 22 ม.ค. 65	23 ม.ค. ถึง 25 ม.ค. 65	รวม	1 พ.ย. 64 ถึง 22 ม.ค. 65	23 ม.ค. ถึง 25 ม.ค. 65	รวม
เขต 1	0		0	522	1	523	0		0	410		410
เขต 2	0		0	648	5	653	0		0	162	22	184
เขต 3	0		0	184	5	189	0		0	44	32	76
เขต 4	0		0	362		362	0		0	303	4	307
เขต 5	0		0	560		560	0		0	360	13	373
เขต 6	0		0	1481	7	1488	0		0	1870	74	1944
เขต 7	0		0	507	3	510	0		0	1197	64	1261
เขต 8	0		0	1525	6	1531	0		0	855	62	917
เขต 9	0		0	177		177	0		0	278	3	281
เขต 10	0		0	80		80	0		0	82		82
เขต 11	2		2	463	4	467	1		1	1139	207	1346
เขต 12	13		13	3539	4	3543	2		2	328	7	335
เขต 13	0		0	951	21	972	1		1	4540	489	5029
รวม	15	0	15	10,999	56	11,055	4	0	4	11,568	977	12,545
			0.06%			46.81%			0.02%			53.11%

หมายเหตุ : กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์เฝ้าระวังตรวจกลายพันธุ์หลังเปิดประเทศตั้งแต่วันที่ 1 พ.ย. 64 - 25 ม.ค. 2565

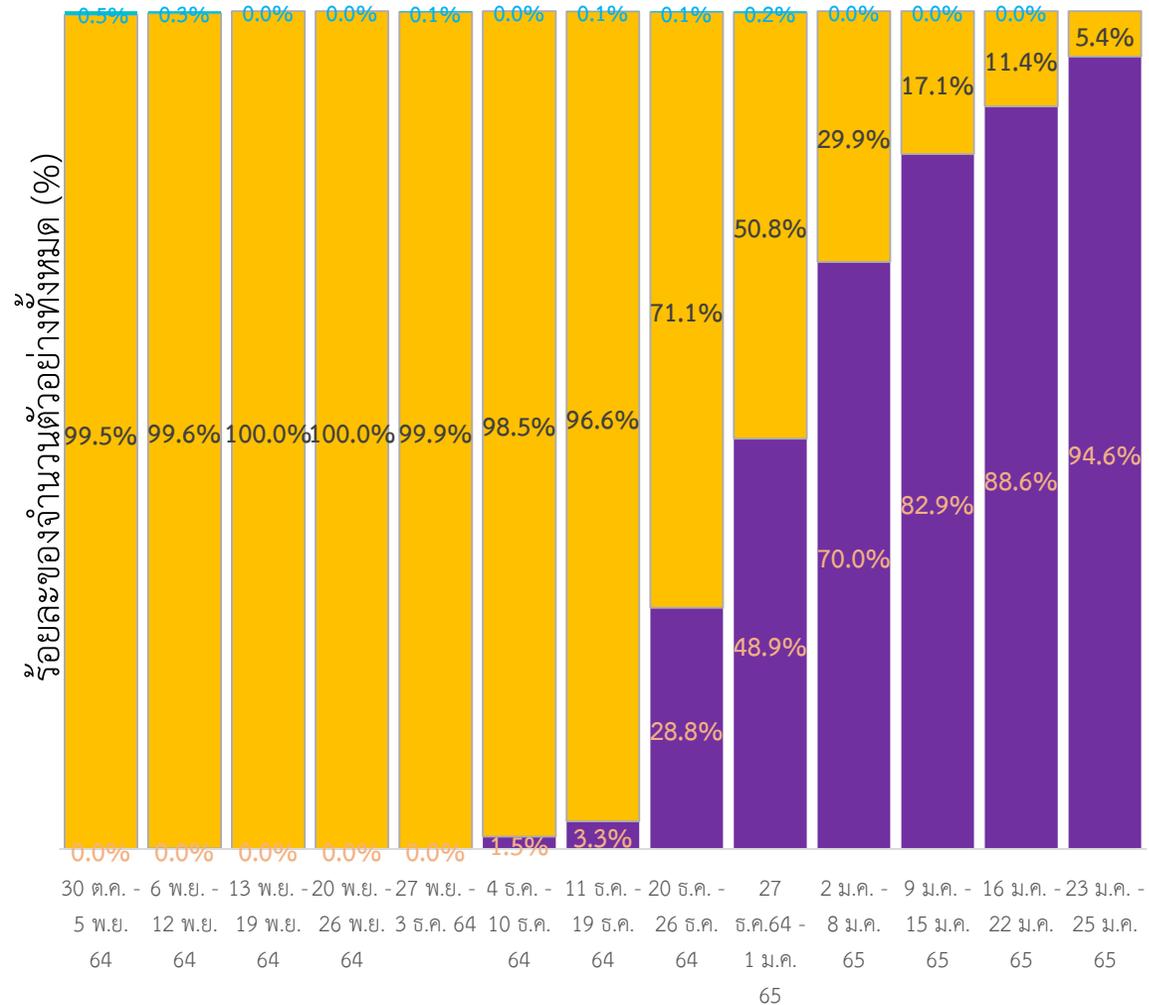
จำนวนผู้ติดเชื้อ สายพันธุ์ B.1.1.529 ; Omicron รวมทุกกลุ่ม

จังหวัด	จำนวนทั้งหมด (กลุ่มในประเทศ) Potentially B.1.1.529 (Omicron)
กรุงเทพมหานคร	5029 (1474)
ชลบุรี	950 (508)
ภูเก็ต	777 (103)
ร้อยเอ็ด	431 (431)
สมุทรปราการ	379 (66)
สุราษฎร์ธานี	375 (45)
กาฬสินธุ์	324 (322)
หนองคาย	264 (264)
มหาสารคาม	262 (262)
เชียงใหม่	244 (141)

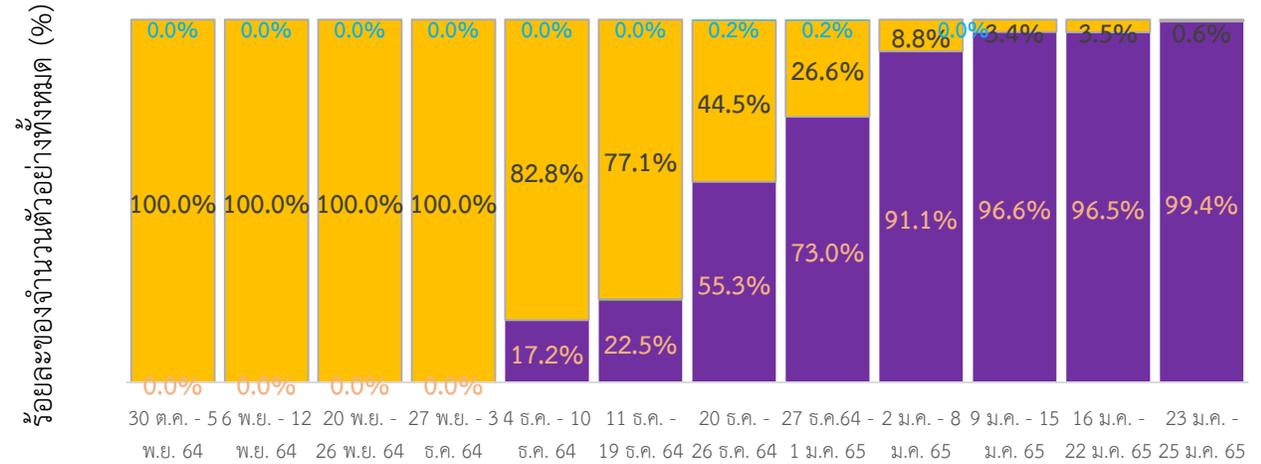


สัดส่วนสายพันธุ์ที่เฝ้าระวังแบ่งตามกลุ่มตัวอย่าง : ตั้งแต่เปิดประเทศ (พฤศจิกายน 2564)

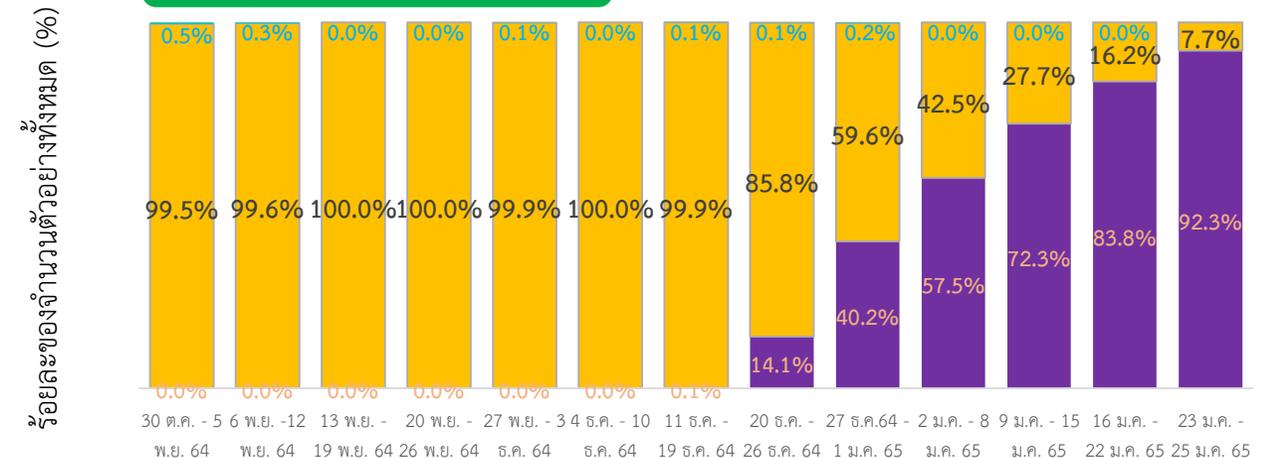
รวมทุกกลุ่ม



กลุ่มผู้เดินทางจากต่างประเทศ



กลุ่มอื่นๆ ในประเทศ



Omicron Sublineage

Lineage	Most common countries	Earliest date	# designated	# assigned	Description	WHO Name
B.1.1.529	United States of America 62.0%, Turkey 15.0%, India 3.0%, Germany 3.0%, Italy 3.0%	2021-11-12	0	2713	South Africa and Botswana lineage, from pango-designation issue #343	Omicron
BA.1	United Kingdom 44.0%, United States of America 32.0%, Denmark 5.0%, Canada 3.0%, Germany 2.0%	2020-10-23	130	420299	Alias of B.1.1.529.1, from pango-designation issue #361	Omicron
BA.2	Denmark 79.0%, United Kingdom 6.0%, India 5.0%, Sweden 2.0%, Singapore 2.0%	2021-11-11	6	10385	Alias of B.1.1.529.2, from pango-designation issue #361	Omicron
BA.3	Poland 42.0%, South_Africa 40.0%, United Kingdom 10.0%, Germany 3.0%, Belgium 1.0%	2021-11-23	5	78	Alias of B.1.1.529.3, from pango-designation issue #367	Omicron



สายพันธุ์ระบาดหลักทั่วโลกคือ BA.1





Table of mutations

mut (nuc)	Gene	Mut (aa)	BA.1	BA.2	BA.3
C21618T	S	T19I		Y	
21633_21641del	S	LPPA24S		Y	
C21762T	S	A67V	Y		Y
21765_21770del	S	del69/70	Y		Y
C21846T	S	T95I	Y		Y
G21987A (outlier);	S	G142D	Y	Y	Y
21987_21995	S	del143/145	Y		Y
22194_22196del	S	N211I	Y		Y
T22200G	S	V213G		Y	
G22578A	S	G339D	Y	Y	Y
C22674T	S	S371F		Y	Y
T22673C, C22674T	S	S371L	Y		
T22679C	S	S373P	Y	Y	Y
C22686T	S	S375F	Y	Y	Y
A22688G	S	T376A		Y	
G22775A	S	D405N		Y	Y
G22813T	S	K417N	Y	Y	Y
T22882G	S	N440K	Y	Y	Y
G22898A	S	G446S	Y		Y
G22992A	S	S477N	Y	Y	Y
C22995A	S	T478K	Y	Y	Y
A23013C	S	E484A	Y	Y	Y
A23040G	S	Q493R	Y	Y	Y
G23048A	S	G496S	Y		
A23055G	S	O498R	Y	Y	Y
A23063T	S	N501Y	Y	Y	Y
T23075C	S	Y505H	Y	Y	Y
C23202A	S	T547K	Y		
A23403G	S	D614G	Y	Y	Y
C23525T	S	H655Y	Y	Y	Y
T23599G	S	N679K	Y	Y	Y
C23604A	S	P681H	Y	Y	Y
C23854A	S	N764K	Y		Y
G23948T	S	D796Y	Y	Y	Y
C24130A	S	N856K	Y		
A24424T	S	Q954H	Y	Y	Y
T24469A	S	N969K	Y	Y	Y
C24503T	S	L981F	Y		

Identification of Omicron

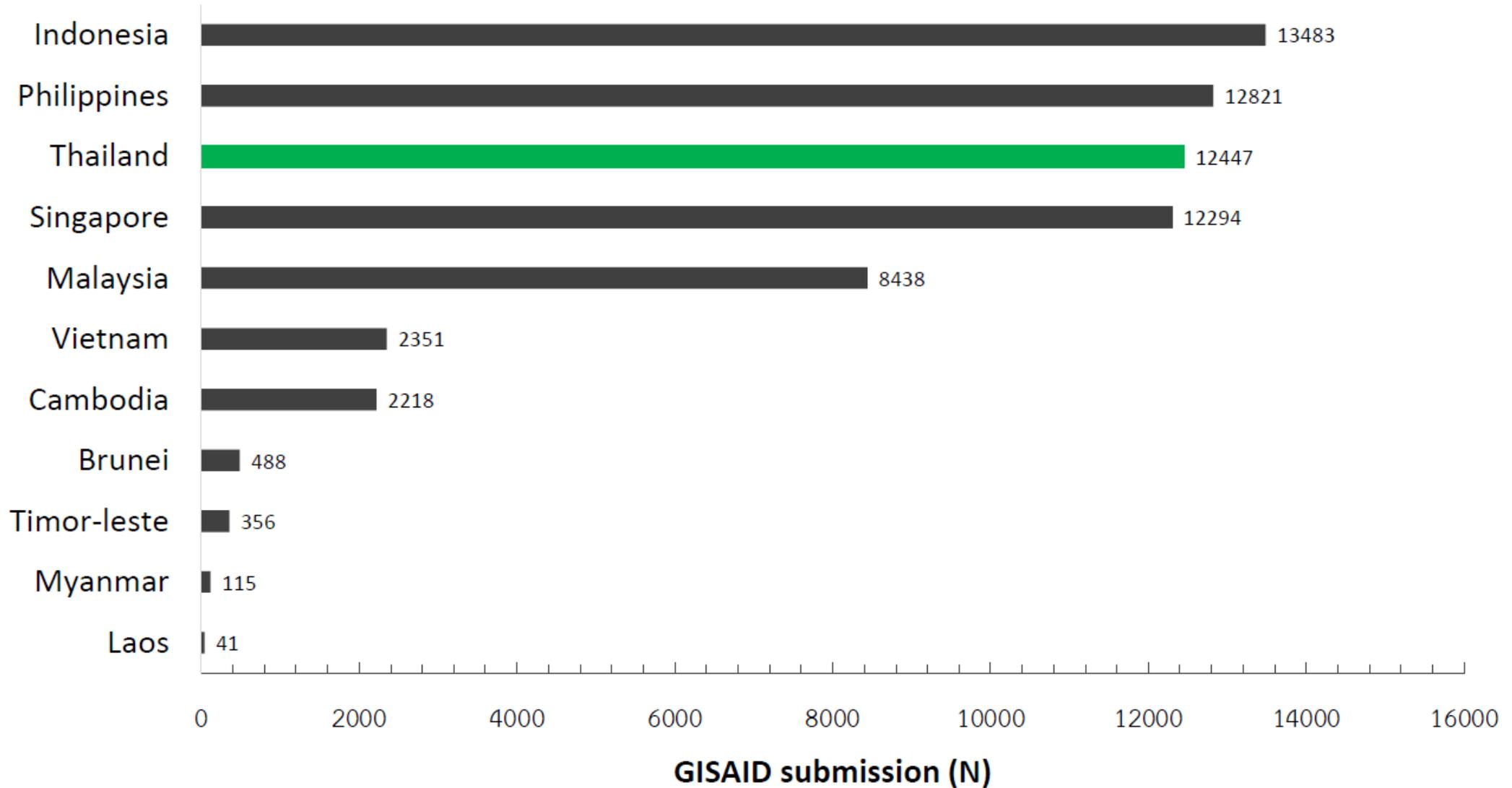
Omicron lineage screening by RT-PCR

RT-PCR specific S gene mutation	Potentially Omicron
HV69-70deletion	+ / -
K417N	+
L452R	-
T478K	+
N501Y	+



Confirmed and Identified sub-lineages by WGS

GISAID submission (Southeast Asia)





GISAID submission : ข้อมูลสายพันธุ์ BA.2 จากประเทศไทย

Accession ID Virus name complete high coverage

Location Host low coverage excl w/Patient status

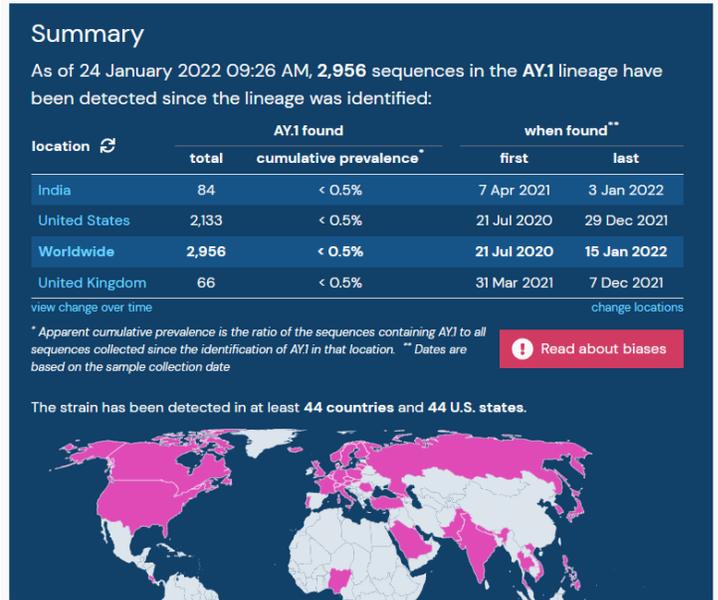
Collection to Submission to collection date compl

Clade Lineage Substitutions Variants

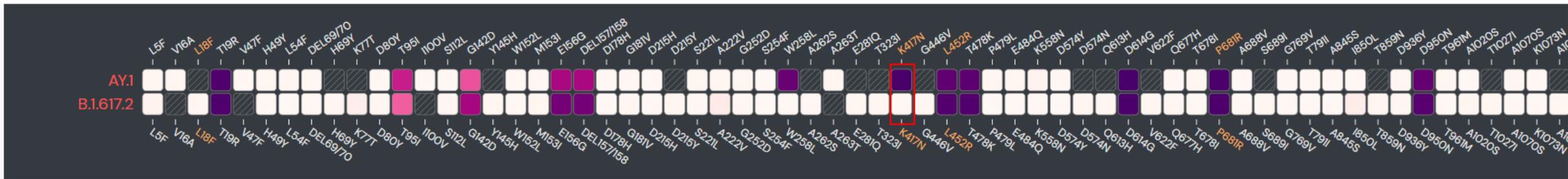
<input type="checkbox"/>	Virus name	Passage de	Accession ID	Collection da	Submission [ⓘ	Length	Host	Location	Originating
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Thailand/DMSc-06677/2022	Original	EPI_ISL_9095573	2022-01-09	2022-01-25	⚠	29,779	Human	Asia / Thailand /	Sirindhorn H
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Thailand/DMSc-06614/2022	Original	EPI_ISL_9095510	2022-01-07	2022-01-25	⚠	29,780	Human	Asia / Thailand /	Sirindhorn H
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Thailand/DMSc-06590/2022	Original	EPI_ISL_9095486	2022-01-06	2022-01-25	⚠	29,779	Human	Asia / Thailand /	Klang Hosp
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Thailand/NIC_BKK_SEQ24346/20	Original	EPI_ISL_9021088	2021-12	2022-01-24	⚠	29,461	Human	Asia / Thailand /	Vichaivej In
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Thailand/DMSc-06412/2021	Original	EPI_ISL_8840711	2021-12-27	2022-01-19	⚠	29,766	Human	Asia / Thailand /	Regional M
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Thailand/DMSc-06357/2021	Original	EPI_ISL_8840710	2021-12-26	2022-01-19	⚠	29,624	Human	Asia / Thailand /	Regional M

สายพันธุ์เดลต้าพลัส-AY.1 (Delta+K417N)

- เป็นสายพันธุ์ย่อยของเดลตา (B.1.617.2)
- AY.1 พบการระบาดของเชื้อไวรัสในในเดือน พ.ค. 2564 ที่ประเทศเนปาล มีการกลายพันธุ์ โดยเปลี่ยนแปลงกรดอะมิโนในส่วน Spike ที่ใช้ยึดเกาะเซลล์ผู้ติดเชื้อ ในตำแหน่งที่ “417” เปลี่ยนจาก “K” (Lysine) ไปเป็น “N” (Asparagine)
- AY.1 ยังคงมีการกลายพันธุ์ในส่วน spike หลายตำแหน่งรูปแบบเดียวกับสายพันธุ์เดลต้าคือ T19R, (G142D), 156del, 157del, R158G, L452R, T478K, D614G, P681R, D950N โดยมี “K417N” เพิ่มเข้ามา



(ข้อมูลจากเว็บไซต์ <https://outbreak.info/> ณ วันที่ 26 มกราคม 2565)



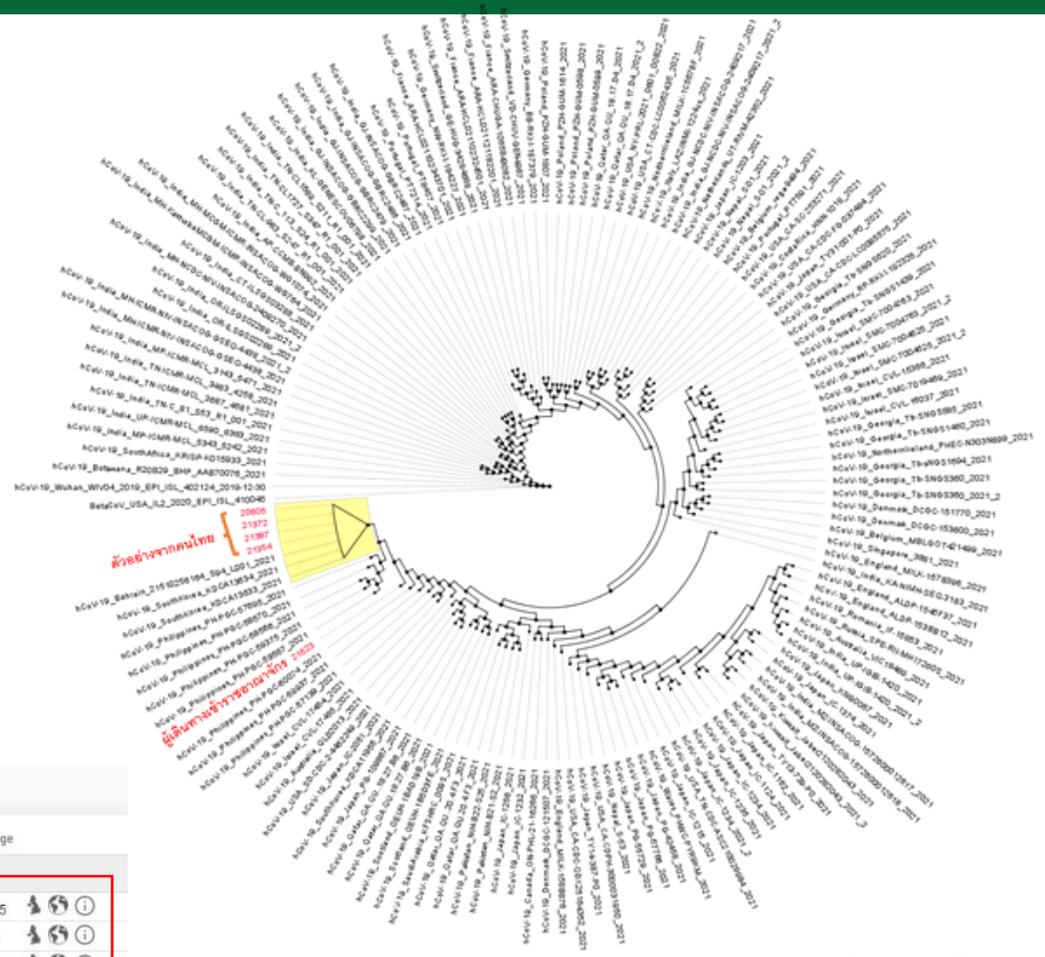
สายพันธุ์เดลต้าพลัส-AY.1 (Delta+K417N) ในประเทศไทย

สำหรับในประเทศไทยตรวจพบสายพันธุ์เดลต้าพลัส Delta+K417N (AY.1) ด้วยเทคนิค Whole Genome Sequencing (WGS) เพื่อหาความเชื่อมโยงของการแพร่ระบาดพบสายพันธุ์เดลต้าพลัส Delta +K417N (AY.1) โดยผลการตรวจวิเคราะห์ดังแสดงในตาราง

No	Lab_ID	Collection_date	Location	Note	WGS
1	SEQ/21-20805	ไม่ระบุ	รพ.แพร่	5 วันก่อนมา เป็นไข้ ไอ เจ็บคอ จมูกไม่ได้กลิ่น ลิ้นไม่รับรส ตรวจ ATK+	AY.1
2	SEQ/21-21354	15-Nov-64	รพ.แพร่	สัมผัสผู้ป่วยโควิด No.1	AY.1
3	SEQ/21-21372	19-Nov-64	รพ.แพร่	สัมผัสผู้ป่วยโควิด No.1	AY.1
4	SEQ/21-21387	20-Nov-64	รพ.ตราด	-	AY.1
5	SEQ/21-21623	ไม่ระบุ	รพ.เมตพาร์ค	ผู้เดินทางเข้าราชอาณาจักร (ต้นทางลาว)	AY.1
6	SEQ/21-22786	10-Dec-64	รพ.บางปะกอก 9 อินเตอร์เนชั่นแนล	ผู้เดินทางเข้าราชอาณาจักร (ต้นทางลาว)	AY.1

Reset entries Upload another file

File name	Sequence name	Lineage
ANALYSED (Click tick icon for more info) 6 sequences		
gisaid_hcov-19_2021_12_10_08.fasta	hCoV-19/Thailand/AFRIMS-6950/2021 EPI_ISL_5695500 2021-09-18	AY.85
gisaid_hcov-19_2021_12_10_08.fasta	21387	AY.1
gisaid_hcov-19_2021_12_10_08.fasta	21372	AY.1
gisaid_hcov-19_2021_12_10_08.fasta	21354	AY.1
gisaid_hcov-19_2021_12_10_08.fasta	20805	AY.1
gisaid_hcov-19_2021_12_10_08.fasta	21623	AY.1



แผนภาพ Phylogenetic tree แสดงความคล้ายคลึงกันของรหัสพันธุกรรมสายพันธุ์ AY.1 ที่พบในประเทศไทยเปรียบเทียบกับตัวอย่างสายพันธุ์ที่พบทั่วโลก โดยพบมีความสัมพันธ์ใกล้เคียงกับสายพันธุ์ที่พบในประเทศบราซิล เกาหลีใต้ และฟิลิปปินส์ มากที่สุด

แสดงข้อมูลลำดับพันธุกรรมที่วิเคราะห์ด้วย Pango lineage (<https://pangolin.cog-uk.io/>)

สายพันธุ์เดลต้าพลัส-AY.4.2 (Delta+Y145H และ A222V)

- เป็นสายพันธุ์ย่อยของเดลตา (B.1.617.2)
- AY.4.2 พบการระบาดของเชื้อไวรัสในอินเดีย เดือนมิถุนายน 2564 ที่ประเทศอังกฤษ มีการกลายพันธุ์ โดยเปลี่ยนแปลงกรดอะมิโนในส่วน Spike ที่ใช้ยึดเกาะเซลล์ผู้ติดเชื้อ 2 ตำแหน่งคือ “Y145H” และ “A222V”
- สำนักงานความมั่นคงด้านสุขภาพของสหรัฐอเมริกา (UHSA) ยกย่องสายพันธุ์ AY.4.2 เป็น ‘สายพันธุ์ที่ต้องสอบสวน’ (Variant Under Investigation) สายพันธุ์ล่าสุดในชื่อ VUI-21OCT-21



Variants of Interest (VOI)

For these variants, evidence is available on genomic properties, epidemiological evidence or in-vitro evidence that could imply a significant impact on transmissibility, severity and/or immunity, realistically having an impact on the epidemiological situation in the EU/EEA. However, the evidence is still preliminary or is associated with major uncertainty. In addition, all the criteria for variants under monitoring outlined below apply.

WHO label	Lineage + additional mutations	Country first detected (community)	Spike mutations of interest	Year and month first detected	Evidence for impact on transmissibility	Evidence for impact on immunity	Evidence for impact on severity	Transmission in EU/EEA
Mu	B.1.621	Colombia	R346K, E484K, N501Y, D614G, P681H	January 2021	Yes (m) (14)	Yes (m) (15)		Sporadic/Travel
Lambda	C.37	Peru	L452Q, F490S, D614G	December 2020		Yes (v) (16, 17)		Sporadic/Travel
n/a	AY.4.2	United Kingdom	L452R, T478K, D614G, P681R, A222V, Y145H	June 2021	Yes (v) (18)	No (v) (18, 19)	No (v) (18)	Community

Summary

As of 24 January 2022 09:26 AM, 83,736 sequences in the AY.4.2 lineage have been detected since the lineage was identified:

location	AY.4.2 found		when found**	
	total	cumulative prevalence*	first	last
United Kingdom	74,578	5%	1 Jan 2021	15 Jan 2022
Worldwide	83,736	1%	1 Jan 2021	20 Jan 2022
India	10	< 0.5%	18 Oct 2021	29 Dec 2021
United States	133	< 0.5%	24 Aug 2021	7 Jan 2022

[view change over time](#)

[change locations](#)

* Apparent cumulative prevalence is the ratio of the sequences containing AY.4.2 to all sequences collected since the identification of AY.4.2 in that location. ** Dates are based on the sample collection date

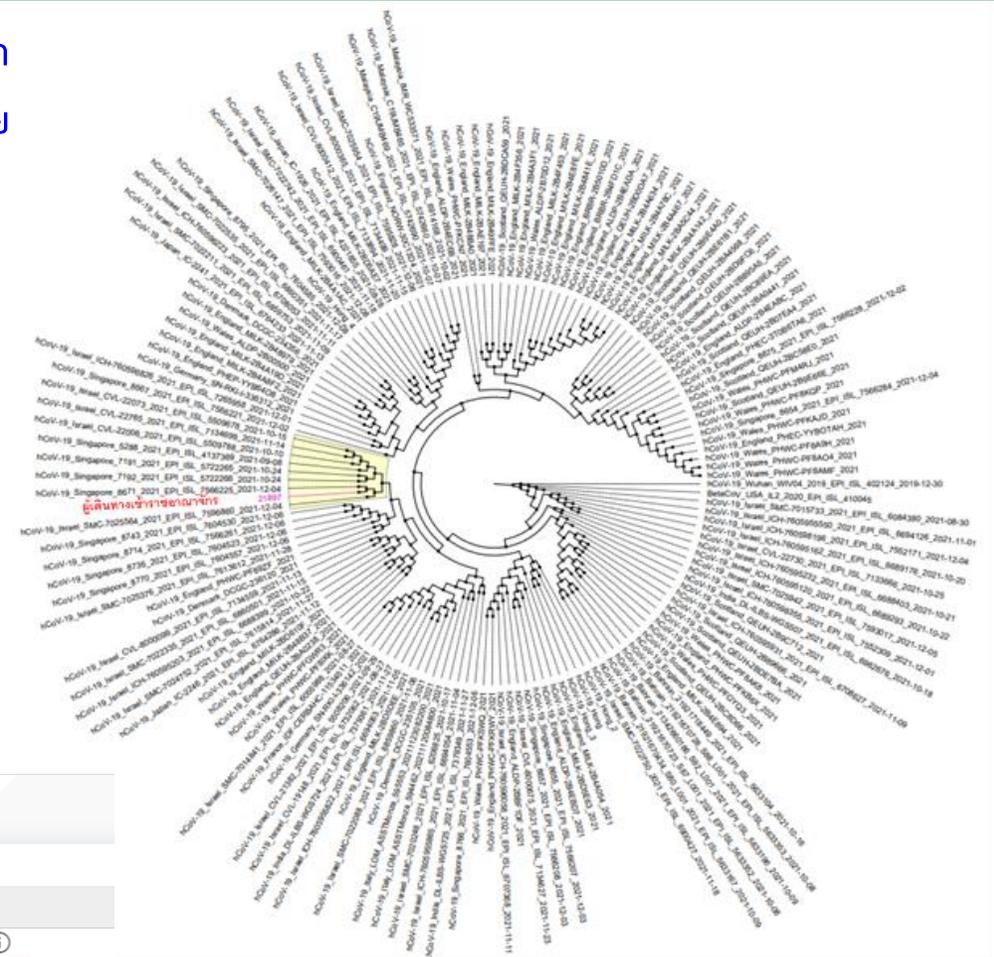
[Read about biases](#)

The strain has been detected in at least 57 countries and 22 U.S. states.

สายพันธุ์เดลต้าพลัส-AY.4.2 (Delta+Y145H และ A222V) ในประเทศไทย

สำหรับในประเทศไทยตรวจพบสายพันธุ์เดลต้าพลัส Delta+Y145H และ A222V (AY.4.2) จากผู้ที่เดินทางเข้าราชอาณาจักร วิเคราะห์ผลด้วยเทคนิค Whole Genome Sequencing (WGS) โดยผลการตรวจวิเคราะห์ดังแสดงในตาราง

No.	Lab_ID	Collection_date	Location	Note	WGS_Pango
1	SEQ/21-21897	ไม่ระบุ	รพ.ปิยะเวท	เดินทางมาจาก สเปน Test&Go	AY.4.2
2	SEQ/21-22765	10-Dec-64	รพ.สุขุมวิท	ต้นทาง: N/A test & go/ASQ	AY.4.2
3	SEQ/21-22768	30-Nov-64	สคร. ที่ 11 นครศรีธรรมราช	ต้นทาง: N/A Phuket sandbox	AY.4.2
4	SEQ/21-22775	3-Dec-64	สคร. ที่ 11 นครศรีธรรมราช	ต้นทาง: N/A Phuket sandbox	AY.4.2



Reset entries
Upload another file

File name	Sequence name	Lineage
— ANALYSED (Click tick icon for more info) 5 sequences		
✓ AY-4-2.fas	hCoV-19/Wuhan/WIV04/2019[EPI_ISL_402124]2019-12-30	B
✓ AY-4-2.fas	21897	AY.4.2
✓ AY-4-2.fas	22765	AY.4.2
✓ AY-4-2.fas	22768	AY.4.2
✓ AY-4-2.fas	22775	AY.4.2

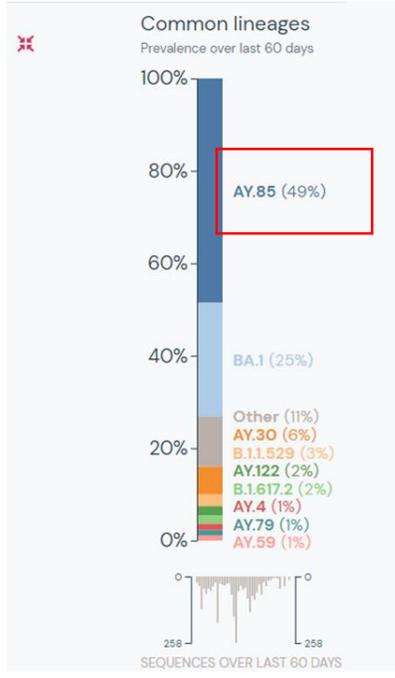
แผนภาพ Phylogenetic tree แสดงความคล้ายคลึงกันของรหัสพันธุกรรมสายพันธุ์ AY.4.2 ที่พบในประเทศไทยเปรียบเทียบกับตัวอย่างสายพันธุ์ที่พบทั่วโลก โดยพบมีความสัมพันธ์ใกล้เคียงกับสายพันธุ์ที่พบในประเทศสิงคโปร์ มากที่สุด



สายพันธุ์เดลต้า-AY.85

กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Sciences

- เป็นสายพันธุ์ย่อยของเดลต้า (B.1.617.2)
- สายพันธุ์ย่อยเดลต้าAY.85 มีการระบาดมากที่สุดในประเทศไทย กัมพูชา โดยในประเทศไทยมีความชุกมากถึง 49%



Summary

As of 24 January 2022 09:26 AM, 5,381 sequences in the AY.85 lineage have been detected since the lineage was identified:

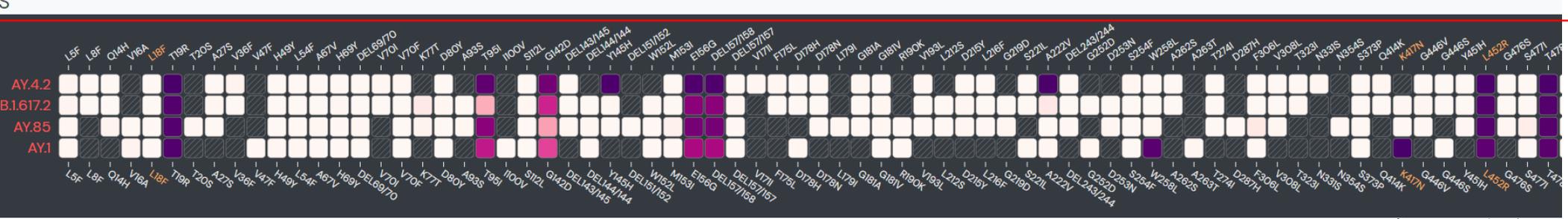
location	AY.85 found		when found**	
	total	cumulative prevalence*	first	last
Thailand	4,532	39%	9 Jan 2021	5 Jan 2022
Worldwide	5,381	< 0.5%	9 Jan 2021	15 Jan 2022
India	55	< 0.5%	10 Apr 2021	23 Dec 2021
United Kingdom	58	< 0.5%	28 Jul 2021	4 Dec 2021
United States	46	< 0.5%	10 May 2021	18 Dec 2021

** Apparent cumulative prevalence is the ratio of the sequences containing AY.85 to all sequences collected since the identification of AY.85 in that location. ** Dates are based on the sample collection date.*

The strain has been detected in at least 36 countries and 11 U.S. states.

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

AY.85	Thailand 83.0%, Cambodia 7.0%, Sweden 2.0%, United Kingdom 1.0%, India	2021-01-09	470	4796	Alias of B.1.617.2.85, Thailand	
-------	--	------------	-----	------	---------------------------------	--





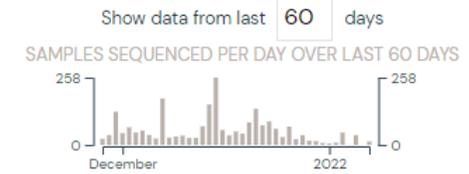
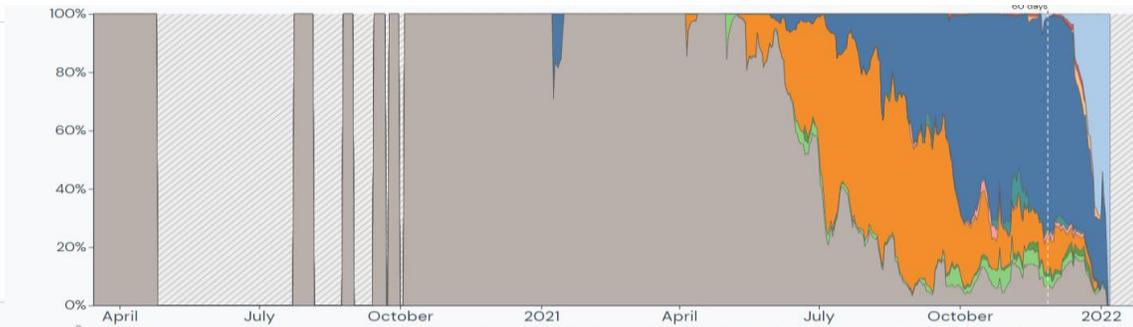
สายพันธุ์เชื้อไวรัส SARS-CoV-2 ที่พบในประเทศไทย

Lineage prevalence in Thailand

Estimates are biased by sampling (read more)

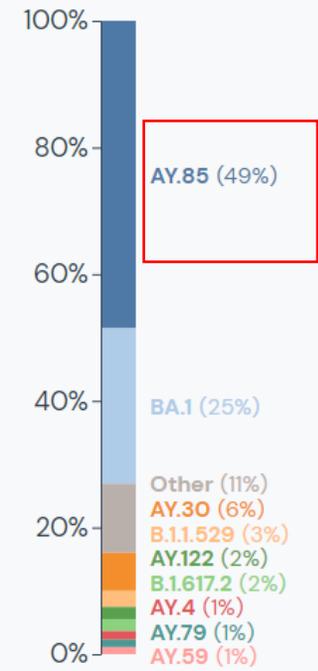
Lineages without daily prevalence > 3% on at least 5 days in the last 60 are grouped into "Other"

Other AY.85 BA.1 AY.30 B.1.1.529 AY.122 B.1.617.2 AY.4 AY.59 AY.79 No data



Common lineages

Prevalence over last 60 days



Tracked lineages in Thailand

CHANGE VARIANTS

Estimates are biased by sampling (read more)

lineage	lineage found		when found**	
	total	cumulative prevalence*	first	last
Variant of Concern				
Delta	8,288	72%	9 Jan 2021	5 Jan 2022
Omicron	624	19%	15 Nov 2021	7 Jan 2022
Alpha	2,097	18%	21 Dec 2020	7 Dec 2021
Beta	110	1%	3 Feb 2021	20 Oct 2021
Gamma	1	< 0.5%	5 Apr 2021	5 Apr 2021

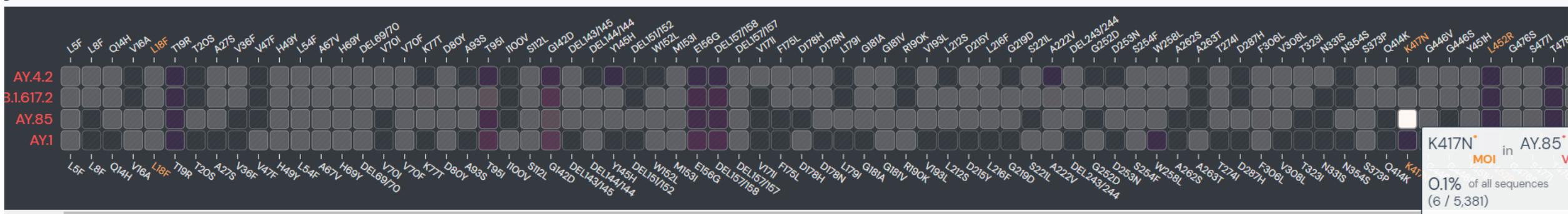
* Apparent cumulative prevalence is the ratio of the sequences containing the lineage or mutation(s) to all sequences collected since the identification of lineage or mutation(s) in that location. ** Dates are based on the sample collection date

สายพันธุ์เดลต้า-AY.85 (AY.85+K417N)

- เป็นสายพันธุ์ย่อยของเดลตา (B.1.617.2)
- AY.85 พบการระบาดของเชื้อไวรัสนี้ส่วนใหญ่ในประเทศไทย กัมพูชา โดย AY.85 ยังคงมีการกลายพันธุ์ในส่วน spike หลายตำแหน่งรูปแบบเดียวกับสายพันธุ์เดลต้าคือ T19R, (G142D), 156del, 157del, R158G, L452R, T478K, D614G, P681R, D950N โดยมี “K417N” เพิ่มเข้ามา ซึ่งพบเพียงร้อยละ 0.1
- ในฐานข้อมูล Gisaid ในประเทศไทยพบจำนวน 2 สายพันธุ์

Virus detail	
Virus name:	hCoV-19/Thailand/NIC_BKK_SEQ21661/2021
Accession ID:	EPI_ISL_7747200
Type:	betacoronavirus
Clade:	G
Pango Lineage:	AY.85 (Pango v.3.1.17 2022-01-20), Delta (B.1.617.2-like) +K417N (Scorpio)
AA Substitutions:	Spike D614G, Spike D950N, Spike K417N, Spike L452R, Spike P681R, M I82T, N D63G, N G215C, N R203M, NS3 L140F, NS3 S26L, NS7b T40I, NSP3 A488S, NSP3 P1228L, NSP4 T492I, NSP4 V167L, NSP6 T77A, NSP12 G671S, NSP12 P323L, NSP13 P77L, NSP14 A394V
Variant:	VOC Delta GK (B.1.617.2+AY.*) first detected in India
Passage details/history:	Original

<input type="checkbox"/>	Virus name	Passage de	Accession ID	Collection da	Submission E	Length	Host	Location	Originating
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Thailand/NIC_BKK_SEQ21661/2021	Original	EPI_ISL_7747200	2021-11	2021-12-17	29,380	Human	Asia / Thailand /	Piyavate Ho
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Thailand/AFRIMS-6950/2021	Original	EPI_ISL_5695500	2021-09-18	2021-10-26	29,812	Human	Asia / Thailand /	Virology, US



ขอบคุณครับ