

กรมวิทย์ฯ เผื่อระวังสายพันธุ์โควิด 19 พบสายพันธุ์ NB.1.8.1 มีแนวโน้มเพิ่มขึ้น
คาดว่าจะกลายเป็นสายพันธุ์หลักที่ระบาดในประเทศไทยและทั่วโลก ย้ำยังไม่มียืนยันว่าทำให้เกิดโรครุนแรงมากขึ้น

นายแพทย์ยงยศ ธรรมวุฒิ อธิบดีกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ กล่าวว่า องค์การอนามัยโลก (WHO) ยังคงให้ความสำคัญกับการติดตามสายพันธุ์โอไมครอน ซึ่งรวมถึงสายพันธุ์ที่ต้องเฝ้าระวัง (Variants of Interest - VOI) อย่าง JN.1* และสายพันธุ์ที่ต้องจับตามอง (Variants under Monitoring - VUM) อีก 6 สายพันธุ์ ได้แก่ KP.3*, KP.3.1.1*, LB.1*, XEC*, LP.8.1* และ NB.1.8.1 ทั้งนี้สัดส่วนของสายพันธุ์โอไมครอนทั่วโลก อ้างอิงข้อมูลจากฐานข้อมูลกลาง GISAID ระหว่างวันที่ 31 มีนาคม ถึง 27 เมษายน 2568 พบว่า

- LP.8.1* มีสัดส่วนสูงที่สุดในสัปดาห์ที่ 14 (42.0%) แต่มีแนวโน้มลดลงอย่างต่อเนื่องจนถึงสัปดาห์ที่ 17 (39.0%)
- NB.1.8.1 มีสัดส่วนเพิ่มขึ้นอย่างต่อเนื่องจากสัปดาห์ที่ 14 (2.5%) จนถึงสัปดาห์ที่ 17 (10.7%)
- XEC* มีสัดส่วนลดลงเล็กน้อยจากสัปดาห์ที่ 14 (22.3%) จนถึงสัปดาห์ที่ 17 (17.8%)

Table 1: Global proportions of SARS-CoV-2 Variants, epidemiological week 14 to 17 of 2025

Lineage*	Countries§	Sequences§	2025-14	2025-15	2025-16	2025-17
VOIs						
JN.1	143	339570	12.0	12.1	11.5	9.7
VUMs						
KP.3	85	61526	2.7	2.2	0.8	1.5
KP.3.1.1	89	117331	9.5	10.8	10.2	8.5
LB.1	99	25457	2.4	2.5	1.7	0.9
XEC	73	52366	22.3	20.0	18.8	17.8
LP.8.1	51	15993	42.0	41.4	40.9	39.0
NB.1.8.1	22	518	2.5	4.1	7.1	10.7
Recombinant	144	513365	6.6	6.9	8.9	11.8
Others	111	35263	0.1	0.1	-	0.1

Figures by WHO, data from GISAID, extracted on 18 May 2025.

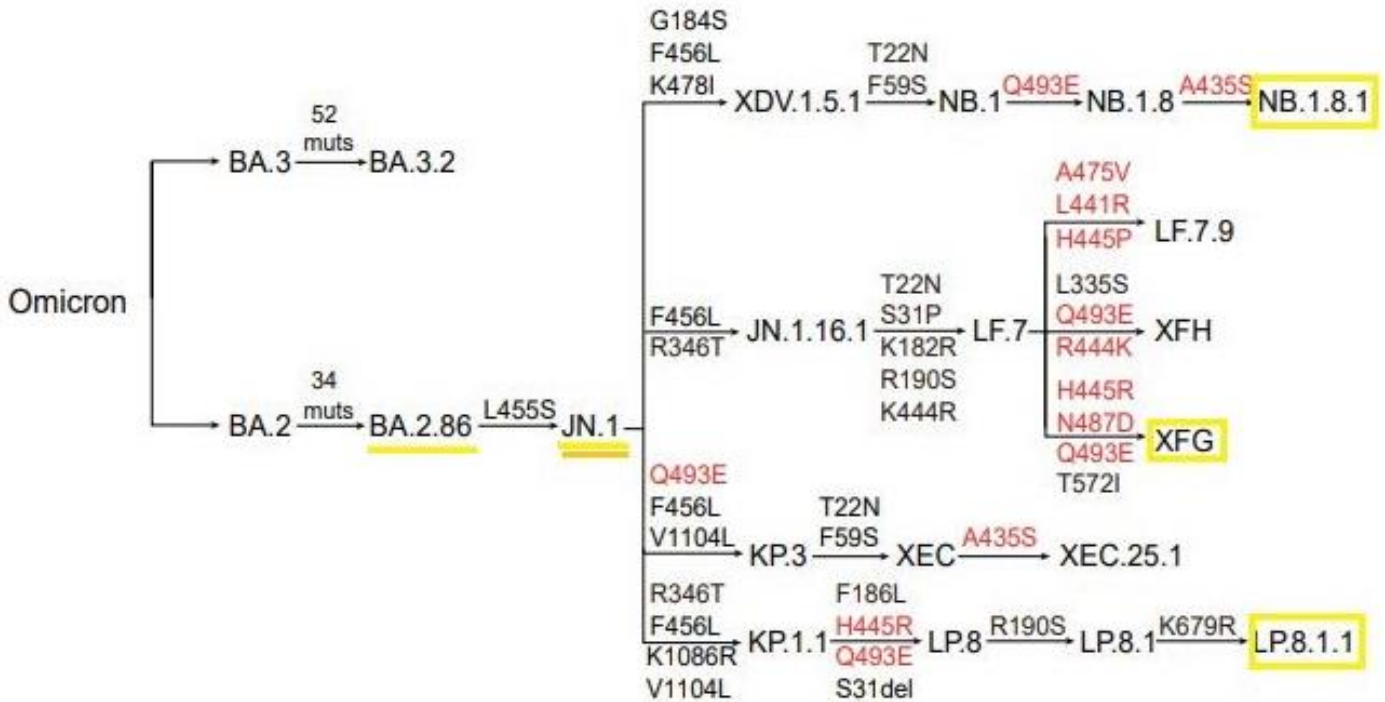
§Number of countries and sequences are since the emergence of the variants.

*The variants listed include descendant lineages, except those individually specified elsewhere in the table.

The VOI and the VUMs that have shown increasing trends are highlighted in yellow, those that have remained stable are highlighted in blue, while those with decreasing trends are highlighted in green.

อธิบดีกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ อธิบายว่า NB.1.8.1 เป็นสายพันธุ์ย่อยของโอไมครอน มีต้นกำเนิดมาจากสายพันธุ์ลูกผสม XDV.1.5.1 โดยพบครั้งแรกเมื่อวันที่ 22 มกราคม 2568 ปัจจุบัน NB.1.8.1 พบใน 22 ประเทศทั่วโลก จำนวนลำดับพันธุกรรมที่พบ 518 ราย ยังน้อยกว่าสายพันธุ์อื่นๆ อย่างมาก แต่สิ่งที่น่าสนใจคือสัดส่วนของ NB.1.8.1 เพิ่มขึ้นอย่างต่อเนื่อง ตลอด 4 สัปดาห์ที่ผ่านมา บ่งชี้ว่าสายพันธุ์นี้กำลังแพร่หลายมากขึ้น และเมื่อวันที่ 23 พฤษภาคมที่ผ่านมา องค์การอนามัยโลกได้ประกาศให้ NB.1.8.1 เป็นสายพันธุ์ที่ต้องจับตามอง แล้วสิ่งที่ทำให้ NB.1.8.1 น่าจับตาคือมีการกลายพันธุ์ในตำแหน่งโปรตีนหนามหลายจุดที่เพิ่มเติมจากสายพันธุ์ JN.1 รวม 7 ตำแหน่ง ได้แก่ S:T22N, S:F59S, S:G184S, S:A435S, S:F456L, S:T478I, S:Q493E ซึ่งส่งผล

ต่อความสามารถในการแพร่กระจายและหลบหลีกภูมิคุ้มกัน อย่างไรก็ตามถึงแม้จะมีข้อมูลว่า NB.1.8.1 อาจจะแพร่กระจายได้ง่ายขึ้น และหลบภูมิคุ้มกันได้ดีขึ้น แต่ยังไม่มีความชัดเจนว่าทำให้เกิดโรครุนแรงมากขึ้น



From: Y. Cao lab, <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2025.04.30.651462v1.full.pdf>

ภาพแสดงวิวัฒนาการของไวรัส SARS-CoV-2 สายพันธุ์โอมิครอน มีการกลายพันธุ์และแตกแขนงออกเป็นสายพันธุ์ย่อยมากมาย ซึ่งแต่ละสายพันธุ์ย่อยก็มีการกลายพันธุ์เพิ่มเติมอีก การติดตามการเปลี่ยนแปลงเหล่านี้มีความสำคัญในการทำความเข้าใจพฤติกรรมของไวรัส และพัฒนากลยุทธ์ในการรับมือกับการระบาด

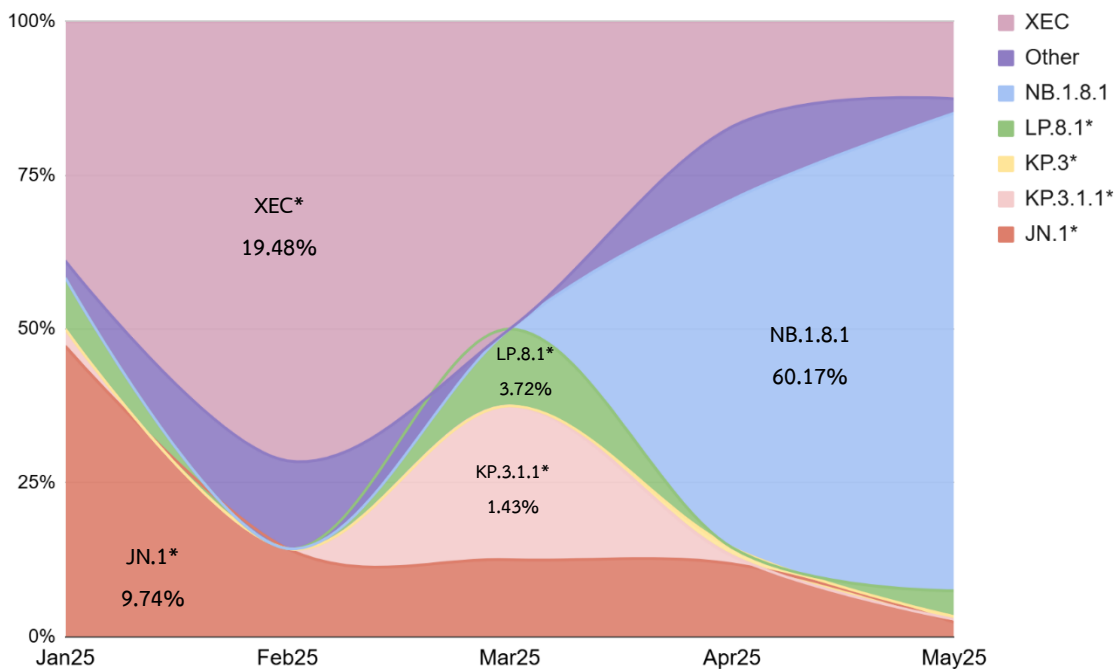
นายแพทย์ยงยศ เปิดเผยต่ออีกว่า สำหรับสถานการณ์ของไวรัส SARS-CoV-2 สายพันธุ์โอมิครอนในประเทศไทย โดยผลจากการถอดรหัสพันธุกรรมเชื้อก่อโรคโควิด 19 ของสถาบันวิจัยวิทยาศาสตร์สาธารณสุข กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ ตั้งแต่เดือนมกราคมถึงพฤษภาคม 2568 พบสายพันธุ์โอมิครอน JN.1*, KP.3.1.1*, KP.3*, LP.8.1*, NB.1.8.1, Other, และ XEC* ข้อมูลที่น่าสนใจคือ NB.1.8.1 กลายเป็นสายพันธุ์หลักอย่างรวดเร็วในช่วงเดือนเมษายนและพฤษภาคม ในขณะที่สายพันธุ์ XEC* และ JN.1* มีสัดส่วนลดลง

- NB.1.8.1: ไม่พบผู้ติดเชื้อสายพันธุ์นี้เลยในเดือนมกราคมถึงมีนาคม แต่เพิ่มขึ้นอย่างมากในเดือนเมษายน (43 ราย) และพฤษภาคม (167 ราย) จำนวนผู้ติดเชื้อรวม 210 ราย
- JN.1*: พบมากที่สุดในเดือนมกราคม (17 ราย) แต่จำนวนลดลงอย่างต่อเนื่องจนเหลือเพียง 5 รายในเดือนพฤษภาคม
- XEC*: จำนวนผู้ติดเชื้อค่อนข้างคงที่ในช่วงเดือนมกราคมถึงเมษายน แต่เพิ่มขึ้นเล็กน้อยในเดือนพฤษภาคม
- สายพันธุ์อื่นๆ (KP.3.1.1*, KP.3*, LP.8.1*, Other) มีจำนวนผู้ติดเชื้อน้อย

ตารางแสดงสัดส่วนของไวรัสSARS-CoV-2 สายพันธุ์โอมิครอนในประเทศไทย ประจำปี พ.ศ. 2568
เดือนมกราคมถึงพฤษภาคม 2568 (อ้างอิงวันที่เก็บตัวอย่าง)

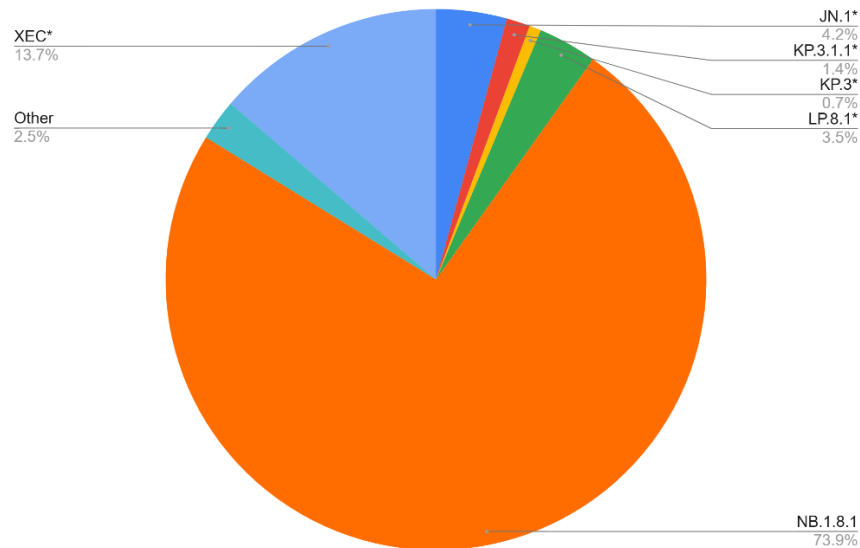
Lineage	Jan25	Feb25	Mar25	Apr25	May25	Grand Total
JN.1*	17	2	1	9	5	34
KP.3.1.1*	1	0	2	1	1	5
KP.3*	0	0	0	1	1	2
LP.8.1*	3	0	1	0	9	13
NB.1.8.1	0	0	0	43	167	210
Other	1	2	0	9	5	17
XEC*	14	10	4	13	27	68
Grand Total	36	14	8	76	215	349

กราฟแสดงสัดส่วนของไวรัส SARS-CoV-2 สายพันธุ์โอมิครอนในประเทศไทยประจำปี พ.ศ. 2568
เดือนมกราคมถึงพฤษภาคม 2568 (อ้างอิงวันที่เก็บตัวอย่าง)



แผนภูมิแสดงสัดส่วนของไวรัสSARS-CoV-2 สายพันธุ์โอมิครอนในประเทศไทย

ที่มา : ผลการถอดรหัสพันธุกรรมเชื้อก่อโรคโควิด 19 ของสถาบันวิจัยวิทยาศาสตร์สาธารณสุข กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
ระหว่างวันที่ 29 เมษายน – 25 พฤษภาคม 2568 (อ้างอิงวันที่เก็บตัวอย่าง)



แผนภูมินี้แสดงให้เห็นว่าสายพันธุ์ NB.1.8.1 ครองสัดส่วนส่วนใหญ่อย่างชัดเจน (73.9%) ในขณะที่สายพันธุ์อื่น ๆ มีสัดส่วนที่น้อยกว่ามาก โดย XEC* เป็นสายพันธุ์ที่พบรองลงมา (13.7%)

“กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์และเครือข่ายยังคงเฝ้าระวังการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์อย่างต่อเนื่อง โดยรวบรวมตัวอย่างจากทั่วประเทศ ตรวจสอบสารพันธุกรรมถอดรหัสจีโนมและเผยแพร่ข้อมูลผ่าน GISAID อย่างสม่ำเสมอ การเฝ้าระวังอย่างใกล้ชิดเช่นนี้ช่วยให้ห้องปฏิบัติการพร้อมรับมือการระบาดในอนาคต สิ่งสำคัญคือการป้องกันตนเอง สวมหน้ากาก ล้างมือบ่อยๆ ความรุนแรงของโรคนั้นอยู่กับภูมิคุ้มกันและสุขภาพส่วนบุคคล ไม่ใช่จำเพาะกับสายพันธุ์เท่านั้น ขอให้ทุกคนรักษาสุขภาพให้แข็งแรงและปฏิบัติตามมาตรการป้องกันอย่างเคร่งครัด” นายแพทย์ยงยศ กล่าวทิ้งท้าย

29 พฤษภาคม 2568

เอกสารอ้างอิง

1. WHO TAG-VE Risk Evaluation for SARS-CoV-2 Variant Under Monitoring:
NB.1.8.1(https://cdn.who.int/media/docs/default-source/documents/epp/tracking-sars-cov-2/23052025_nb.1.8.1_ire.pdf)
2. ฐานข้อมูล GISAID สืบค้นข้อมูล ณ วันที่ 28 พฤษภาคม 2568