



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Sciences



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
DEPARTMENT OF MEDICAL SCIENCES

ข้อมูลการจำแนกตามสายพันธุ์ที่เฝ้าระวัง และการกลายพันธุ์ของเชื้อ

โดย นายแพทย์ศุภกิจ ศิริลักษณ์
อธิบดีกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์

9 พฤษภาคม 2565





การจำแนกสายพันธุ์ที่เฝ้าระวัง

กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Microbiology

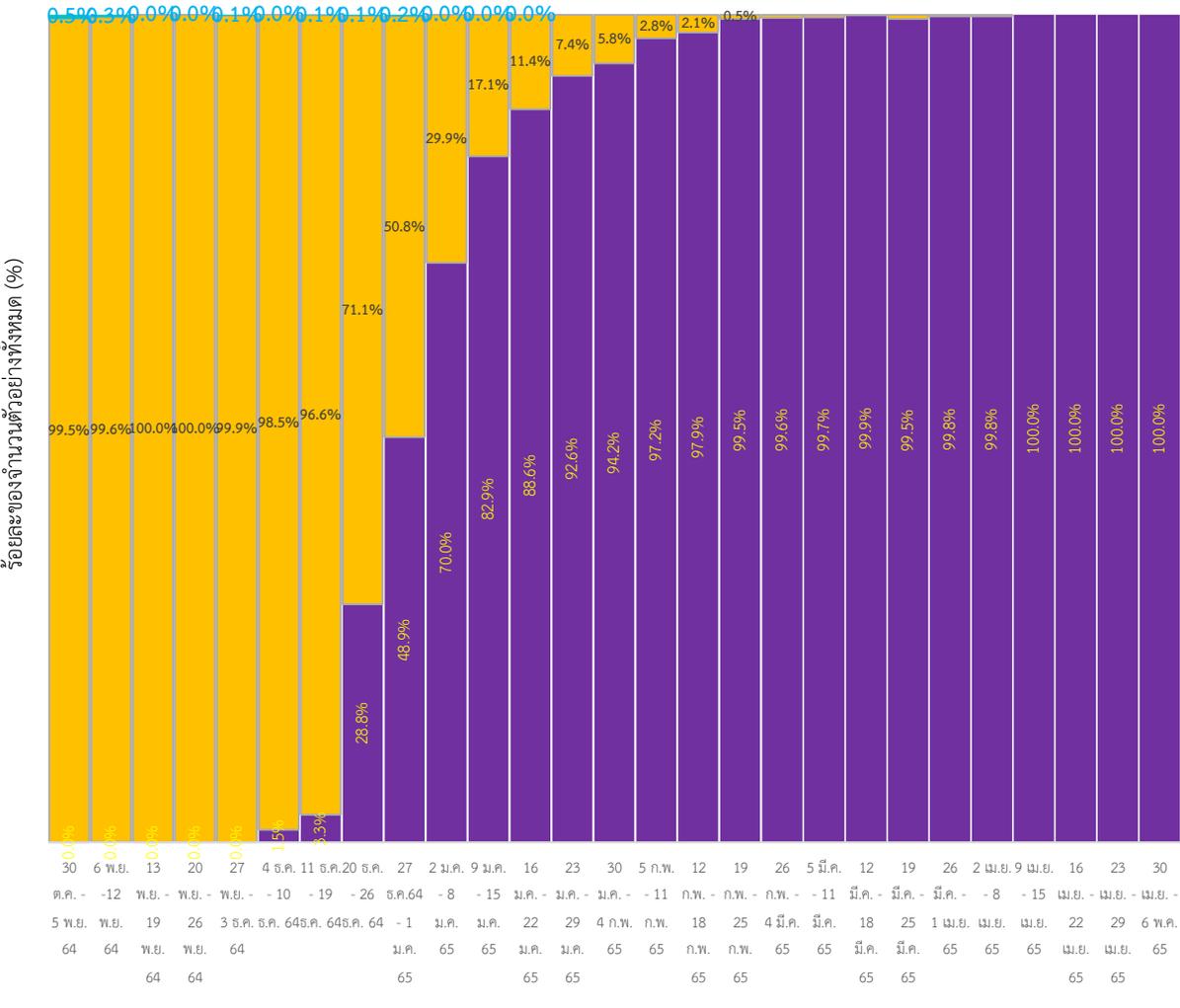
จำนวนผู้ติดเชื้อที่พบจำแนกตามสายพันธุ์สำคัญ (ราย)

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 29 เม.ย. 65	30 เม.ย. ถึง 6 พ.ค. 65	รวม	1 พ.ย. 64 ถึง 29 เม.ย. 65	30 เม.ย. ถึง 6 พ.ค. 65	รวม	1 พ.ย. 64 ถึง 29 เม.ย. 65	30 เม.ย. ถึง 6 พ.ค. 65	รวม	1 พ.ย. 64 ถึง 29 เม.ย. 65	30 เม.ย. ถึง 6 พ.ค. 65	รวม
เขต 1	0		0	581		581	0		0	1728	76	1804
เขต 2	0		0	704		704	0		0	941	25	966
เขต 3	0		0	201		201	0		0	279	5	284
เขต 4	0		0	380		380	0		0	1173	23	1196
เขต 5	0		0	577		577	0		0	1009	25	1034
เขต 6	0		0	1525		1525	0		0	5266	90	5356
เขต 7	0		0	537		537	0		0	3580	53	3633
เขต 8	0		0	1556		1556	0		0	1785	38	1823
เขต 9	0		0	178		178	0		0	560	22	582
เขต 10	0		0	81		81	0		0	356	21	377
เขต 11	2		2	496		496	1		1	4135	132	4267
เขต 12	13		13	3630		3630	2		2	1977	62	2039
เขต 13	0		0	1013		1013	1		1	14884	175	15059
รวม	15	0	15	11,459	0	11,459	4	0	4	37,673	747	38,420
		0.00%	0.03%		0.00%	22.96%		0.00%	0.01%		100.00%	77.00%

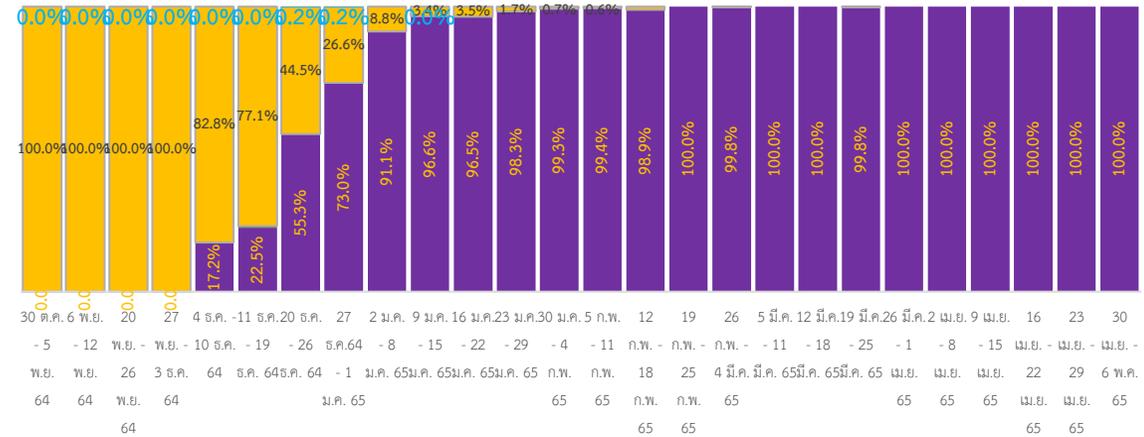
หมายเหตุ : กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์เฝ้าระวังตรวจกลายพันธุ์หลังเปิดประเทศตั้งแต่วันที่ 1 พ.ย. 64 - 6 พ.ค.2565

สัดส่วนสายพันธุ์ที่เฝ้าระวังแบ่งตามกลุ่มตัวอย่าง : ตั้งแต่เปิดประเทศ (พฤศจิกายน 2564)

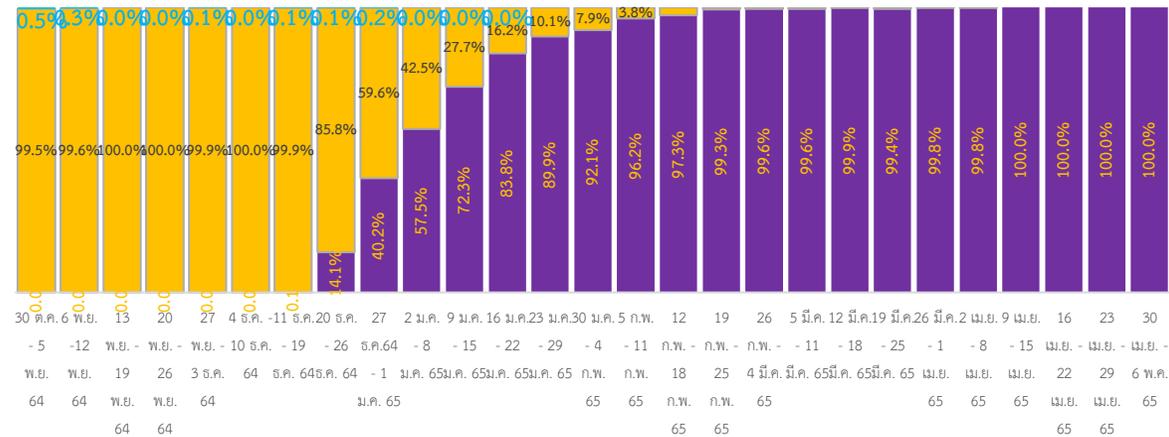
รวมทุกกลุ่ม



กลุ่มผู้เดินทางจากต่างประเทศ



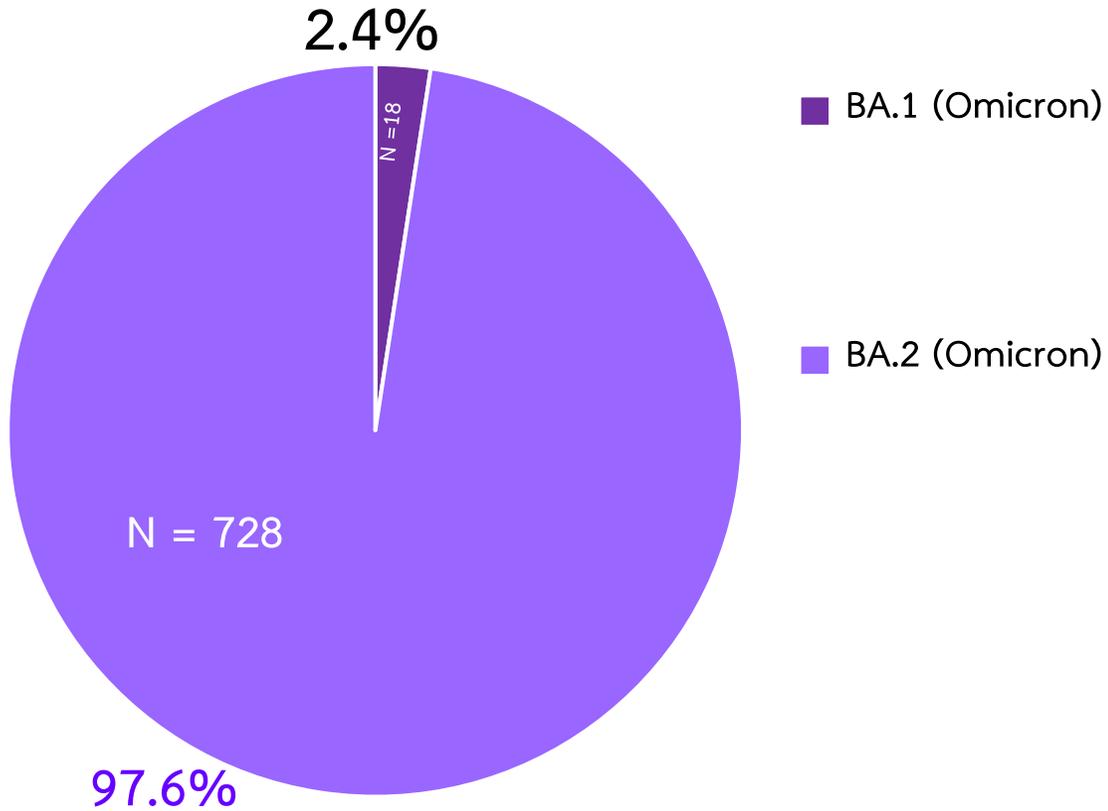
กลุ่มอื่นๆ ในประเทศ



ร้อยละของจำนวนตัวอย่างทั้งหมด (%)

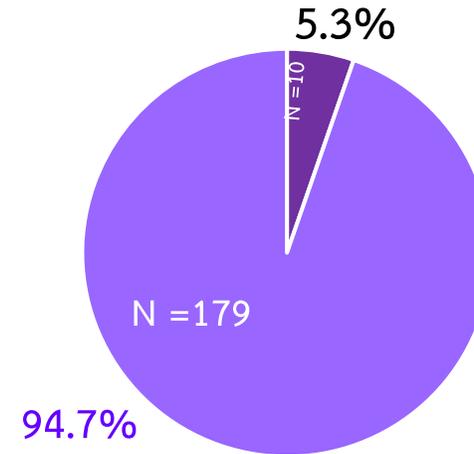
ร้อยละของจำนวนตัวอย่างทั้งหมด (%)

สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย Omicron จาก SNP/Deletion : ระหว่างวันที่ 30เม.ย.- 6พ.ค. 65



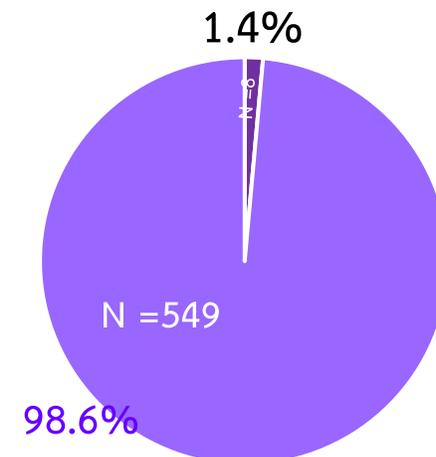
ตัวอย่าง Potentially Omicron ที่แยกสายพันธุ์ย่อยได้ จำนวน 746 ตัวอย่าง

กลุ่มผู้เดินทางจากต่างประเทศ



จำนวน 189 ตัวอย่าง

กลุ่มอื่นๆ ในประเทศ

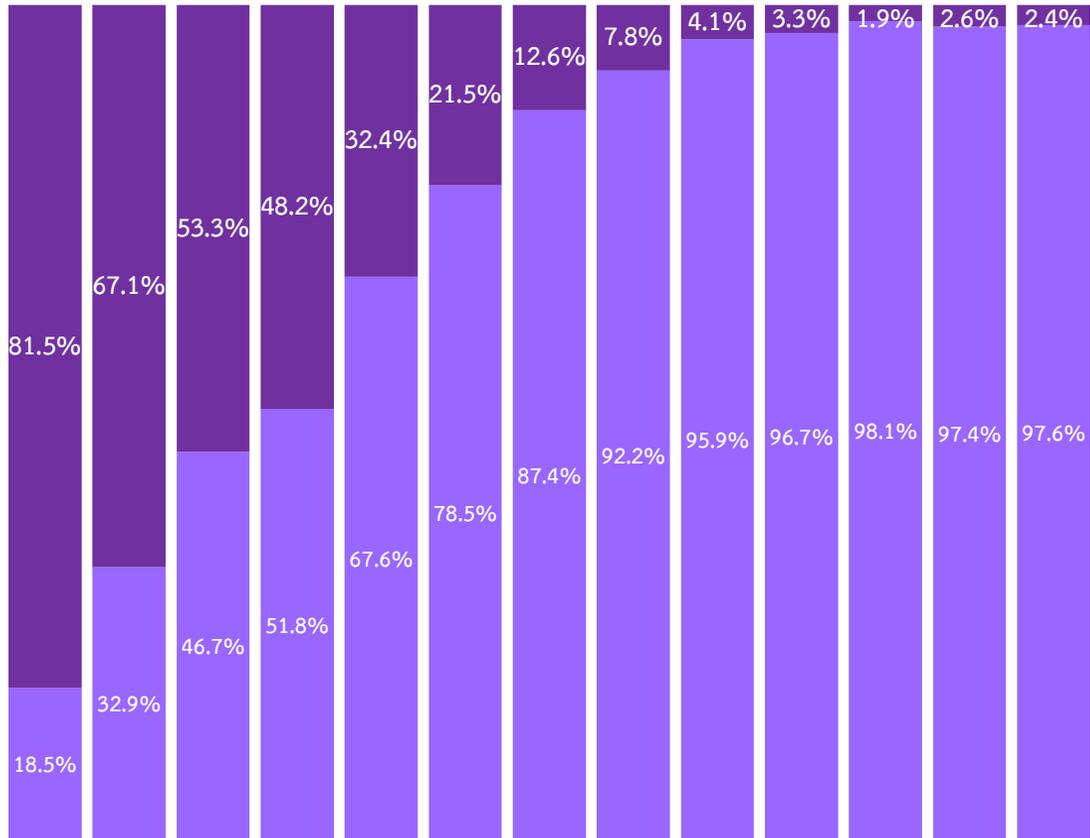


จำนวน 557 ตัวอย่าง



สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย Omicron จาก SNP/Deletion : ระหว่างวันที่ 30เม.ย.- 6พ.ค. 65

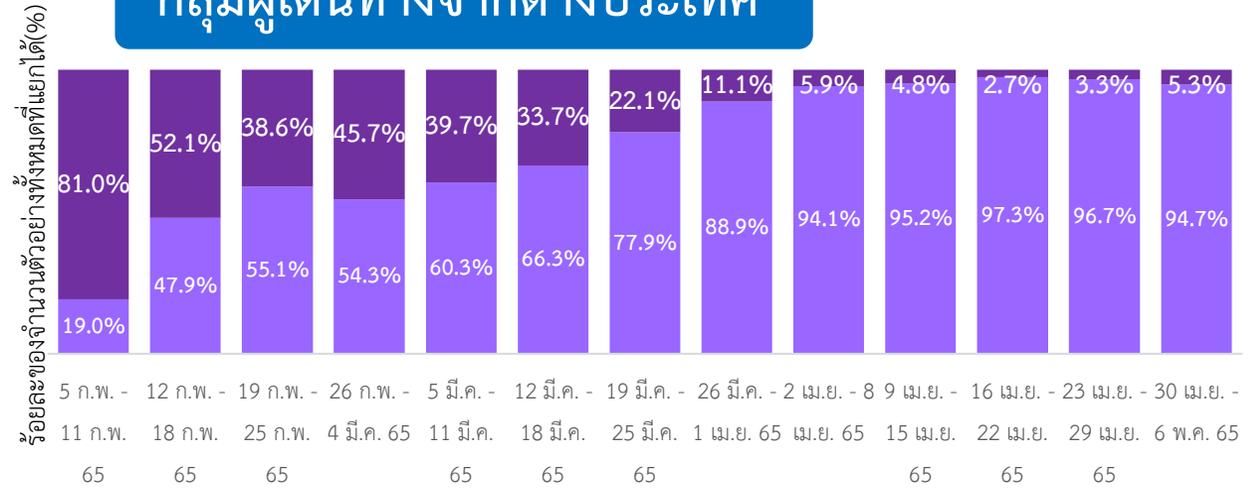
รวมทุกกลุ่ม



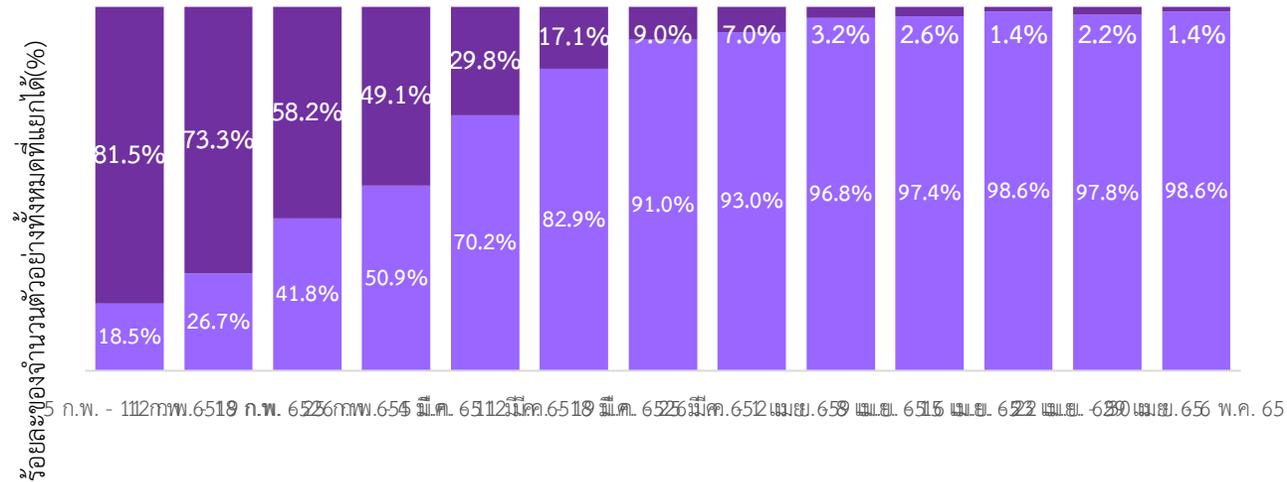
BA.1	462	1299	942	869	610	406	239	150	77	42	32	22	18
BA.2	105	637	824	933	1272	1479	1663	1765	1808	1212	1610	832	728

ข้อมูล ณ 6 พ.ค. 2565 เวลา 18.00 น.

กลุ่มผู้เดินทางจากต่างประเทศ



กลุ่มอื่นๆ ในประเทศ





กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Sciences



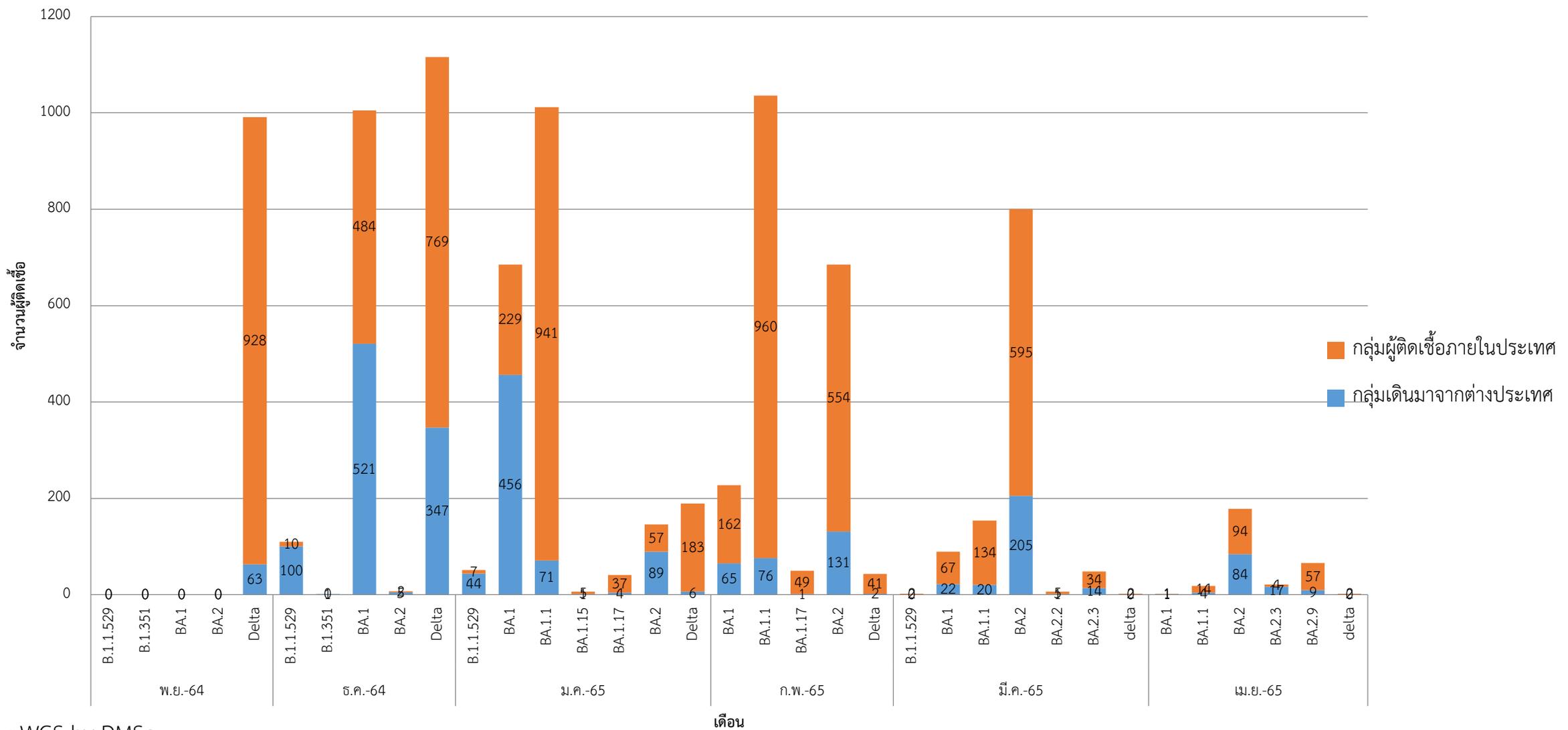
กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
DEPARTMENT OF MEDICAL SCIENCES

ข้อมูลสัดส่วนสายพันธุ์ที่ตรวจพบโดยวิธี WGS ตั้งแต่เปิดประเทศ (1 พ.ย. 2564)





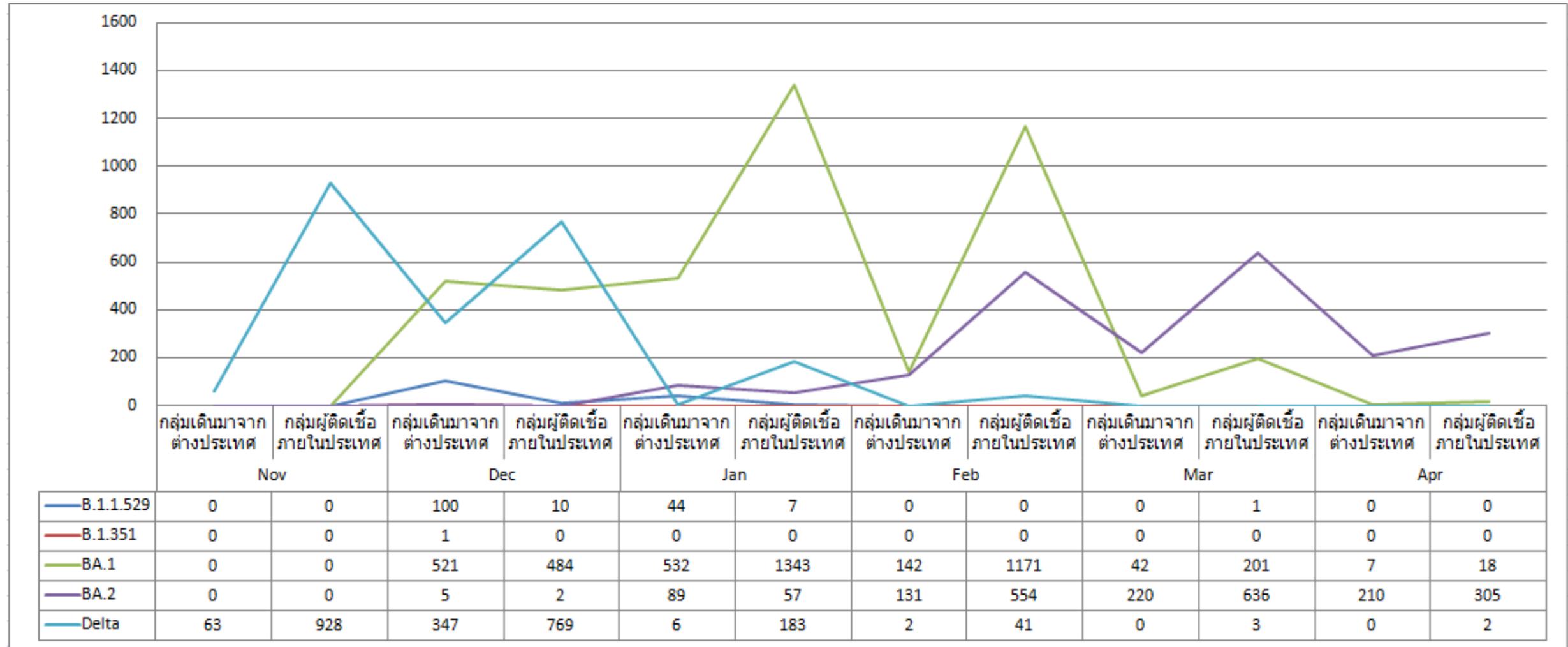
ข้อมูลการเฝ้าระวังการกลายพันธุ์ของเชื้อ SARS-CoV-2 (1 Nov 2021 – 30 Apr 2022)



source : WGS by DMSc



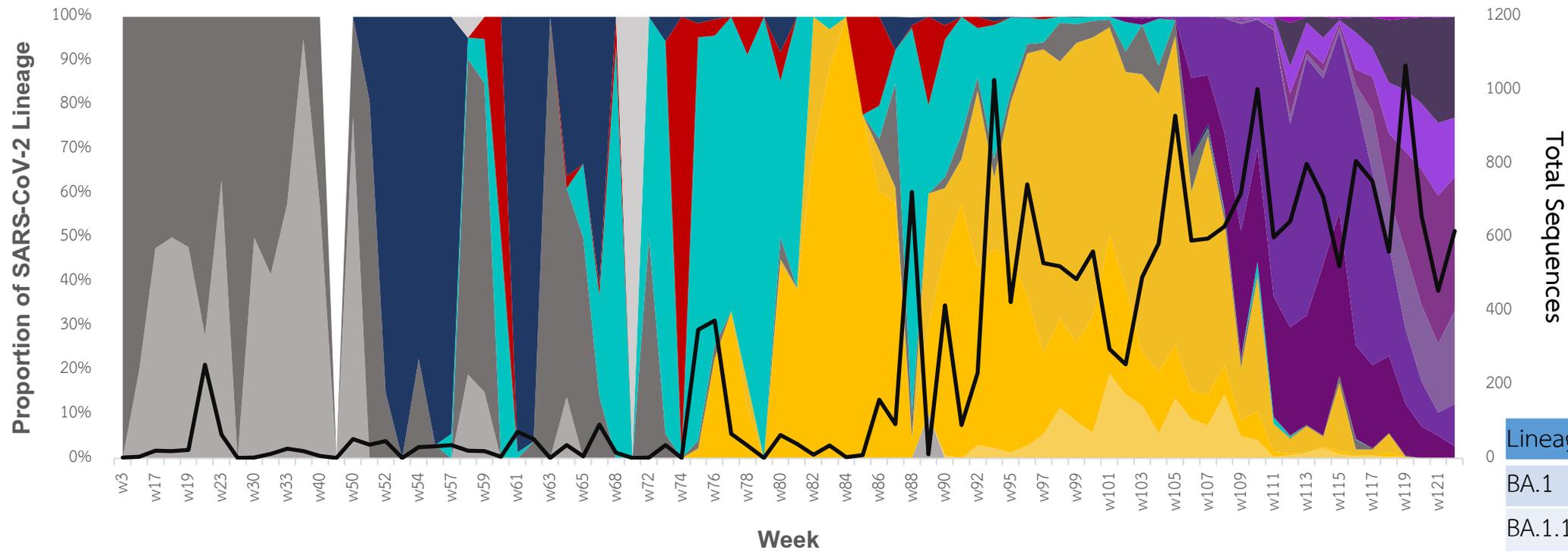
ข้อมูลการเฝ้าระวังการกลายพันธุ์ของเชื้อ SARS-CoV-2 (1 Nov 2021 – 30 Apr 2022)



source : WGS by DMSc



Prevalence of Pangolin lineages in the Thailand with **sequence data** from 17 January 2020 to 29 April 2022



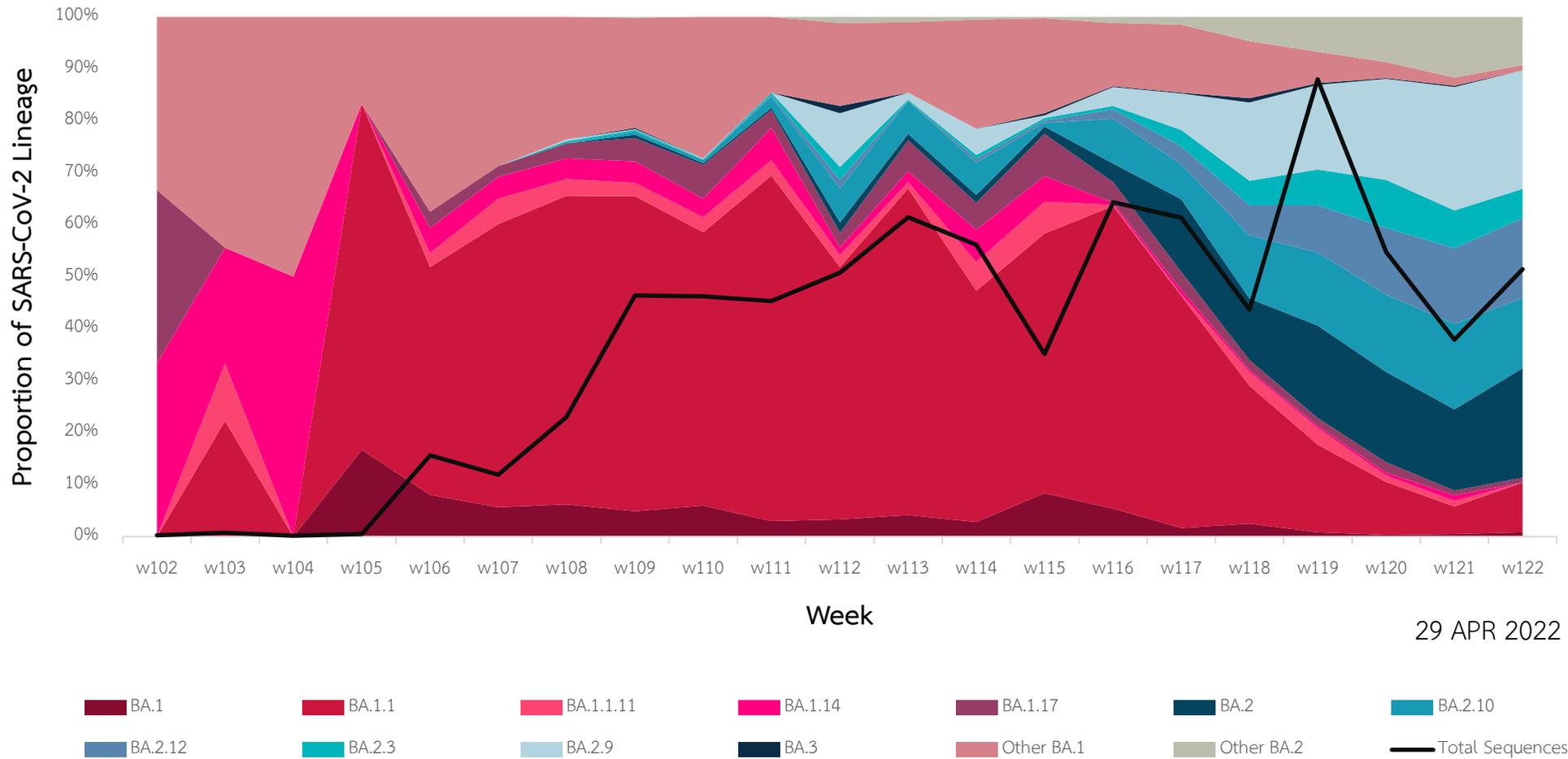
17 JAN 2020

29 APR 2022

Lineage	Wk 121	Wk 122
BA.1	2	5
BA.1.1	24	59
Other BA.1	21	12
BA.2	71	130
Other BA.2	335	411
BA.3	1	0
Grand Total	454	617



Prevalence of Pangolin lineages in the Thailand with **Omicron sequence** data from 16 December 2021 to 29 April 2022



Total Sequences

Lineage	Wk 121	Wk 122
BA.1	2	5
BA.1.1	24	59
BA.1.1.11	5	0
BA.1.14	5	0
BA.1.17	4	6
Other BA.1	7	6
BA.2	71	130
Other BA.2	53	57
BA.2.10	75	83
BA.2.12	66	95
BA.2.3	33	35
BA.2.9	108	141
BA.3	1	0
Grand Total	454	617

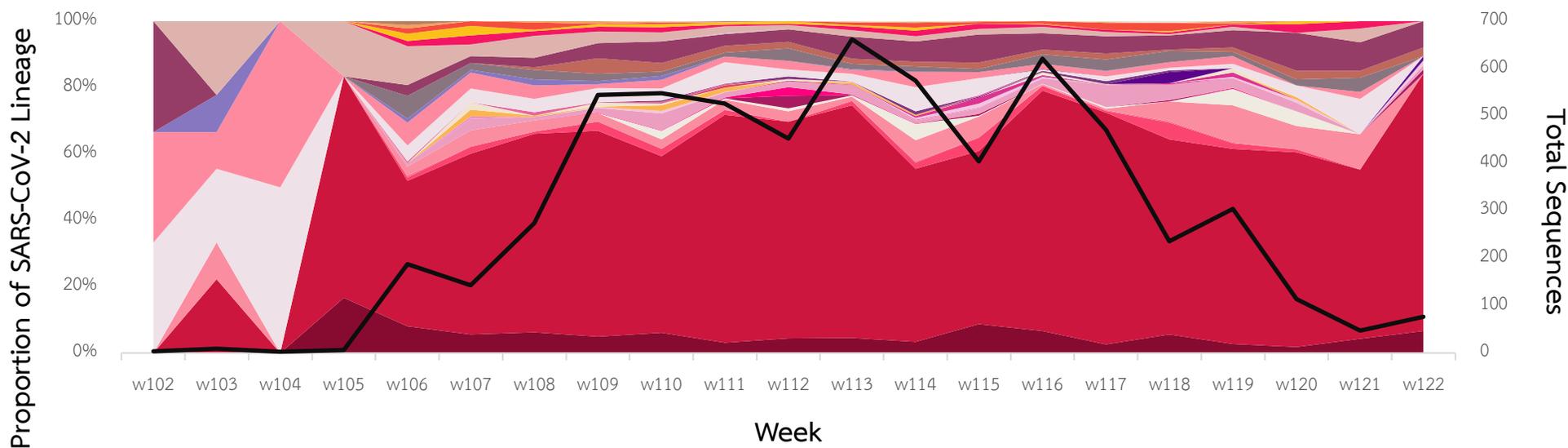
16 DEC 2021

29 APR 2022



Prevalence of Pangolin lineages in the Thailand with BA.1 (Omicron) sequence data

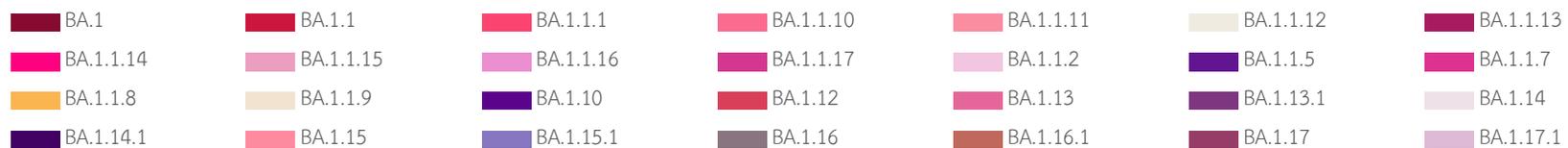
from 16 December 2021 to 29 April 2022



Lineage	Wk 121	Wk 122
BA.1	2	5
BA.1.1	24	59
BA.1.1.11	5	0
BA.1.1.13	0	1
BA.1.1.15	0	1
BA.1.1.2	0	1
BA.1.1.5	0	1
BA.1.14	5	0
BA.1.15	1	0
BA.1.16	2	0
BA.1.16.1	1	2
BA.1.17	4	6
BA.1.17.2	2	0
BA.1.18	1	0
Grand Total	47	76

16 DEC 2021

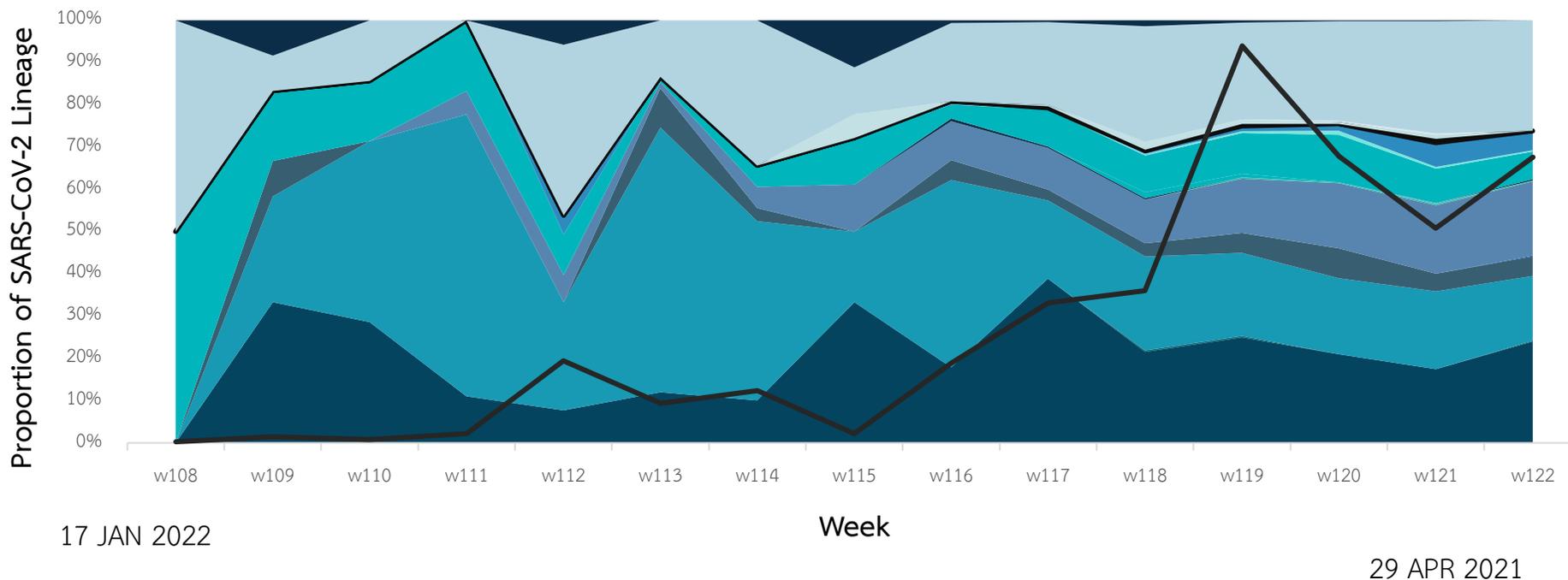
29 APR 2022





Prevalence of Pangolin lineages in the Thailand with BA.2 (Omicron) sequence data

from 17 January 2022 to 29 April 2022



Lineage	Wk 121	Wk 122
BA.2	71	130
BA.2.1	0	1
BA.2.10	75	83
BA.2.10.1	17	25
BA.2.11	0	1
BA.2.12	66	95
BA.2.13	1	1
BA.2.14	1	0
BA.2.16	0	2
BA.2.3	33	35
BA.2.3.2	2	1
BA.2.4	0	1
BA.2.5	23	24
BA.2.6	4	1
BA.2.7	4	0
BA.2.8	1	0
BA.2.9	108	141
Grand Total	406	541

Total Sequences

17 JAN 2022

29 APR 2021

- BA.2
- BA.2.1
- BA.2.10
- BA.2.10.1
- BA.2.11
- BA.2.12
- BA.2.13
- BA.2.14
- BA.2.16
- BA.2.2
- BA.2.3
- BA.2.3.2
- BA.2.4
- BA.2.5
- BA.2.6
- BA.2.7
- BA.2.8
- BA.2.9
- BA.3
- Total Sequences



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Sciences



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
DEPARTMENT OF MEDICAL SCIENCES

สถานการณ์สายพันธุ์ย่อยและสายพันธุ์ผสม ทั่วโลก





สถานการณ์ XM ทั่วโลก จากฐานข้อมูล GISAID

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

XM Germany 30.0%, United Kingdom 23.0%, Denmark 20.0%, Netherlands 13.0%, Croatia 3.0% 2022-02-14 22 30 Recombinant lineage of BA.1.1 and BA.2, European lineage, from pango-designation issue [#472](#)

The screenshot shows the GISAID EpiCoV search interface. The search filters are set to: Clade: all, Lineage: XM, Substitutions: (empty), Variant: (empty). The search results table shows the following data:

checkbox	Virus name	Passage dt	Accession ID	Collection da	Submission dt	Length	Host	Location	Originating
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Germany/NW-RKI-I-776479/2022	Original	EPI_ISL_12529603	2022-04-19	2022-05-05	29,629	Human	Europe / Germany	Universität
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Germany/ST-RKI-I-766069/2022	Original	EPI_ISL_12520402	2022-03-02	2022-05-05	29,873	Human	Europe / Germany	Departmen
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Germany/BB-RKI-I-759031/2022	Original	EPI_ISL_12513588	2022-04-26	2022-05-05	29,649	Human	Europe / Germany	Klinikum E
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Germany/MV-RKI-I-747306/2022	Original	EPI_ISL_12357567	2022-04-11	2022-04-28	29,629	Human	Europe / Germany	Limbach -
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Germany/SH-CHiVir27756/2022	Original	EPI_ISL_12249424	2022-03-30	2022-04-25	29,801	Human	Europe / Germany	A. Krumbh
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Germany/SH-RKI-I-729457/2022	Original	EPI_ISL_12198832	2022-04-06	2022-04-21	29,726	Human	Europe / Germany	LADR Zen
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Scotland/QUEH-3D378C6/2022	Original	EPI_ISL_12085004	2022-04-04	2022-04-16	29,721	Human	Europe / United Kingdom	Lighthouse
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Scotland/QUEH-3D37820/2022	Original	EPI_ISL_12084981	2022-04-04	2022-04-16	29,721	Human	Europe / United Kingdom	Lighthouse
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Portugal/PT31800/2022	Original	EPI_ISL_11941982	2022-03-29	2022-04-11	29,717	Human	Europe / Portugal	CHEDV
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Germany/NW-RKI-I-614696/2022	Original	EPI_ISL_11455491	2022-03-02	2022-03-28	29,844	Human	Europe / Germany	MVZ Dr. El
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Netherlands/NH-RIVM-92722/202	Original	EPI_ISL_11408015	2022-03-11	2022-03-25	29,726	Human	Europe / Netherlands	Dutch COV
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Netherlands/NH-RIVM-92672/202	Original	EPI_ISL_11408014	2022-03-08	2022-03-25	29,726	Human	Europe / Netherlands	Dutch COV
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Scotland/QUEH-3AFB58/2022	Original	EPI_ISL_11401042	2022-03-16	2022-03-25	29,721	Human	Europe / United Kingdom	Lighthouse
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Denmark/DCGC-443983/2022	Original	EPI_ISL_11380511	2022-03-18	2022-03-25	29,785	Human	Europe / Denmark	Departmen
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/England/LSPA-3B27F6C/2022	Original	EPI_ISL_11338264	2022-03-15	2022-03-24	29,721	Human	Europe / United Kingdom	Rosalind F
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Austria/LB-R00066-S223/2022	Original	EPI_ISL_11325602	2022-03-16	2022-03-23	29,772	Human	Europe / Austria	Lifebrain C
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/England/BRBR-3AF92C5/2022	Original	EPI_ISL_11309215	2022-03-15	2022-03-23	29,721	Human	Europe / United Kingdom	Berkshire
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Scotland/QUEH-3AEC66F/2022	Original	EPI_ISL_11305203	2022-03-16	2022-03-23	29,721	Human	Europe / United Kingdom	Lighthouse
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Scotland/OFI-IH-3A7A90A/2022	Original	EPI_ISL_11289179	2022-03-22	2022-03-22	29,721	Human	Europe / United Kingdom	Lighthouse

Total: 38 viruses

Summary

As of 4 May 2022 02:26 AM, 0 sequences in the XM lineage have been detected since the lineage was identified:

location ↻	XM found		when found**	
	total	cumulative prevalence*	first	last
United States	0	not detected		
California, United States	0	not detected		
Worldwide	0	not detected		

[view change over time](#)

[change locations](#)

Important note: In the GISAID EpiFlu™ Database Access Agreement, you have accepted certain terms and conditions for viewing and using data regarding influenza viruses. To the extent the Database contains data relating to non-influenza viruses, the viewing and use of these data is subject to the same terms and conditions, and by viewing or using such data you agree to be bound by the terms of the GISAID EpiFlu™ Database Access Agreement in respect of such data in the same manner as if they were data relating to influenza viruses.

สรุปสถานการณ์ X... ทั่วโลก จากฐานข้อมูล GISAID

Lineage	Most common countries	Earliest date	Number of Lineage (GISAID) Worldwide	Number of Lineage (GISAID) Asia
XA	United Kingdom 100.0%	2021-01-30	45	0
XB	United States of America 77.0%, Mexico 16.0%, Guatemala 3.0%, Honduras 2.0%, El Salvador 1.0%	2020-07-08	3400	2
XC	Japan 100.0%	2021-08-12	28	25
XE	United Kingdom 95.0%, United States of America 2.0%, Israel 0.0%, Germany 0.0%, Denmark 0.0%	2022-01-19	1991	27
XG	Denmark 96.0%, Germany 2.0%, United Kingdom 1.0%, United States of America 1.0%, Spain 1.0%	2022-01-11	199	0
XH	Denmark 98.0%, United Kingdom 2.0%	2021-12-30	54	0
XJ	Finland 88.0%, Sweden 6.0%, United Kingdom 3.0%, France 3.0%	2022-01-19	34	0
XL	United Kingdom 98.0%, United States of America 2.0%	2022-02-06	59	0
XM	Germany 30.0%, United Kingdom 27.0%, Denmark 18.0%, Netherlands 12.0%, Croatia 3.0%	2022-02-14	38	0
XN	United Kingdom 99.0%, Denmark 1.0%	2022-02-13	100	0
XR	United Kingdom 100.0%	2022-02-13	78	0
XS	United States of America 95.0%, Switzerland 3.0%, India 3.0%	2021-12-26	37	0



สายพันธุ์ X... ในประเทศไทย

GISAID

Registered Users | EpiFlu™ | EpiCoV™ | EpiRSV™ | My profile

EpiCoV™ | Search | Downloads | Upload

Search ▼

EPI_ISL ID Virus name

Location

Collection to Submission to

Clade Lineage Substitutions Var

Text Search

Message

EpiCoV employed the new Pango lineage v4.0.6 (2022-04-24) tool, as soon as it became available, to assign phylogenetic lineages to genetic sequences. When such an update occurs, all genomes in EpiCoV undergo reclassification by Pango which can lead to temporary fluctuations in the tallies of variants. There are currently three different methods available for Pango lineage calls and they significantly disagree in the lineage assignments. Users should not overinterpret differences in the lineage counts.

OK

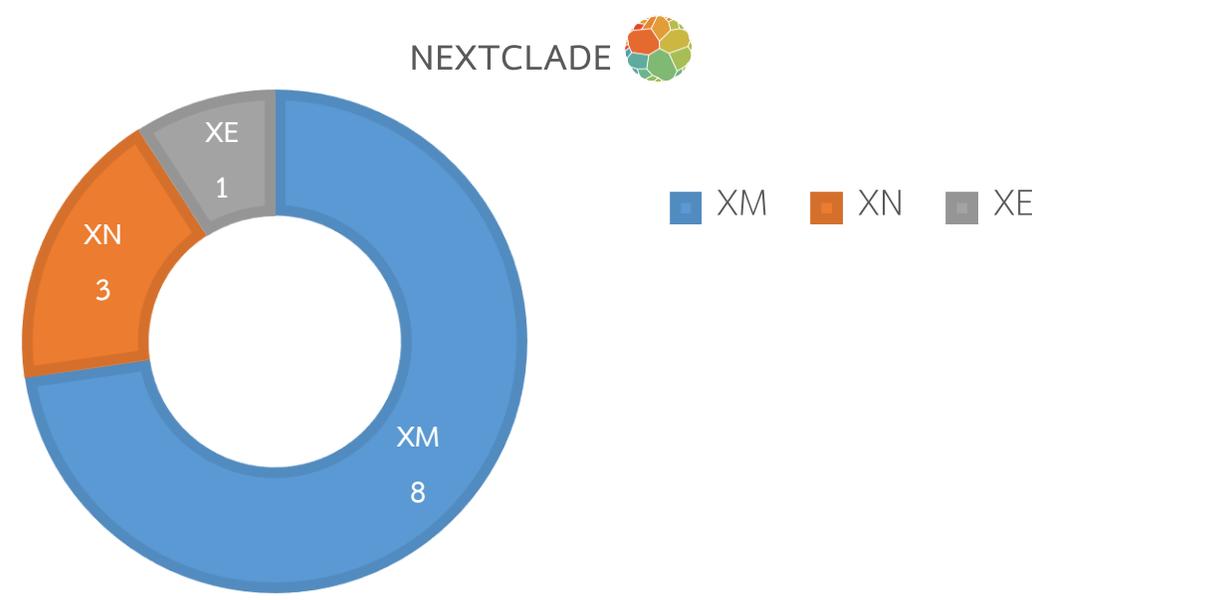
<input type="checkbox"/>	Virus name	Passage de	Accession ID	Collection da	Submission I	Length	Host	Location	Originating
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Indonesia/BB-...							Asia / Indonesia	BLKPAI
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Indonesia/BB-...							Asia / Indonesia	BLKPAI
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Indonesia/BB-...							Asia / Indonesia	BLKPAI
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Indonesia/BB-...							Asia / Indonesia	BLKPAI
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Indonesia/BB-...							Asia / Indonesia	BLKPAI
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Indonesia/BB-...							Asia / Indonesia	BLKPAI
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Indonesia/BB-NIHRD-WGS.22.04	Original	EPI_ISL_12544583	2022-03-16	2022-05-04	29,760	Human	Asia / Indonesia	BLKPAI
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Indonesia/BB-NIHRD-WGS.22.04	Original	EPI_ISL_12544582	2022-03-15	2022-05-04	29,760	Human	Asia / Indonesia	BLKPAI
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Indonesia/BB-NIHRD-WGS.22.04	Original	EPI_ISL_12544581	2022-03-15	2022-05-04	29,760	Human	Asia / Indonesia	BLKPAI
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Indonesia/BB-NIHRD-WGS.22.04	Original	EPI_ISL_12544580	2022-03-15	2022-05-04	29,760	Human	Asia / Indonesia	BLKPAI
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Indonesia/BB-NIHRD-WGS.22.04	Original	EPI_ISL_12544579	2022-03-14	2022-05-04	29,760	Human	Asia / Indonesia	BLKPAI
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Indonesia/BB-NIHRD-WGS.22.04	Original	EPI_ISL_12544578	2022-03-14	2022-05-04	29,760	Human	Asia / Indonesia	BLKPAI
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Indonesia/BB-NIHRD-WGS.22.04	Original	EPI_ISL_12544577	2022-03-14	2022-05-04	29,760	Human	Asia / Indonesia	BLKPAI
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Indonesia/BB-NIHRD-WGS.22.04	Original	EPI_ISL_12544576	2022-03-13	2022-05-04	29,783	Human	Asia / Indonesia	BLKPAI
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Indonesia/BB-NIHRD-WGS.22.04	Original	EPI_ISL_12544575	2022-03-12	2022-05-04	29,760	Human	Asia / Indonesia	BLKPAI
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Indonesia/BB-NIHRD-WGS.22.04	Original	EPI_ISL_12544574	2022-03-12	2022-05-04	29,760	Human	Asia / Indonesia	BLKPAI

Total: 10,691,375 viruses

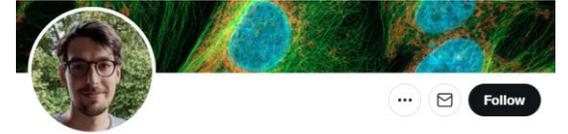
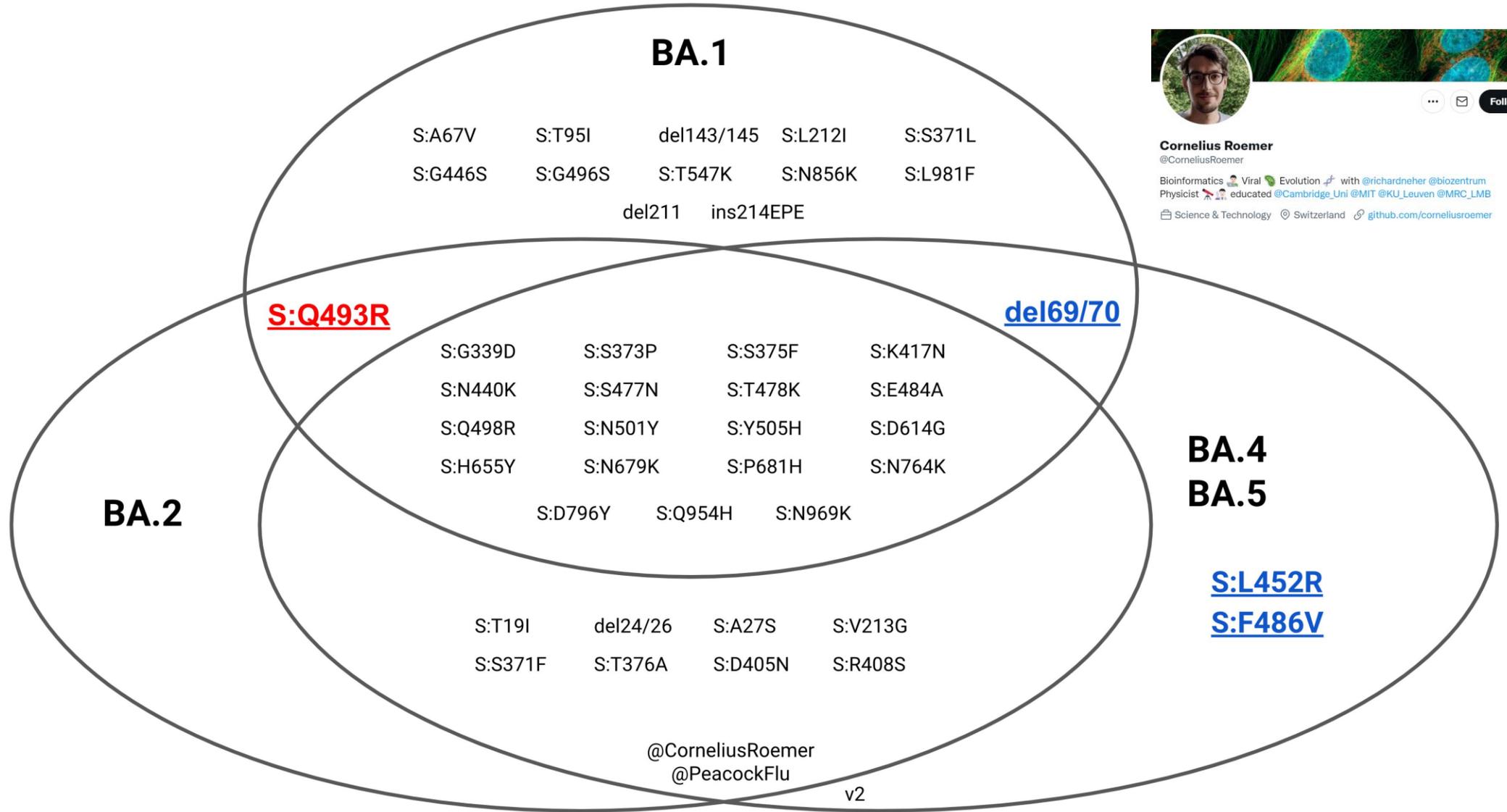
<< < 1 2 3 4 5 > >>

EPI_SET Select Analysis Download

Important note: In the GISAID EpiFlu™ Database Access Agreement, you have accepted certain terms and conditions for viewing and using data regarding influenza viruses. To the extent the Database contains data relating to non-influenza viruses, the viewing and use of these data is subject to the same terms and conditions, and by viewing or using such data you agree to be bound by the terms of the GISAID EpiFlu™ Database Access Agreement in respect of such data in the same manner as if they were data relating to influenza viruses.



Shared and unique Spike mutations in BA.1, BA.2, and BA.4/BA.5

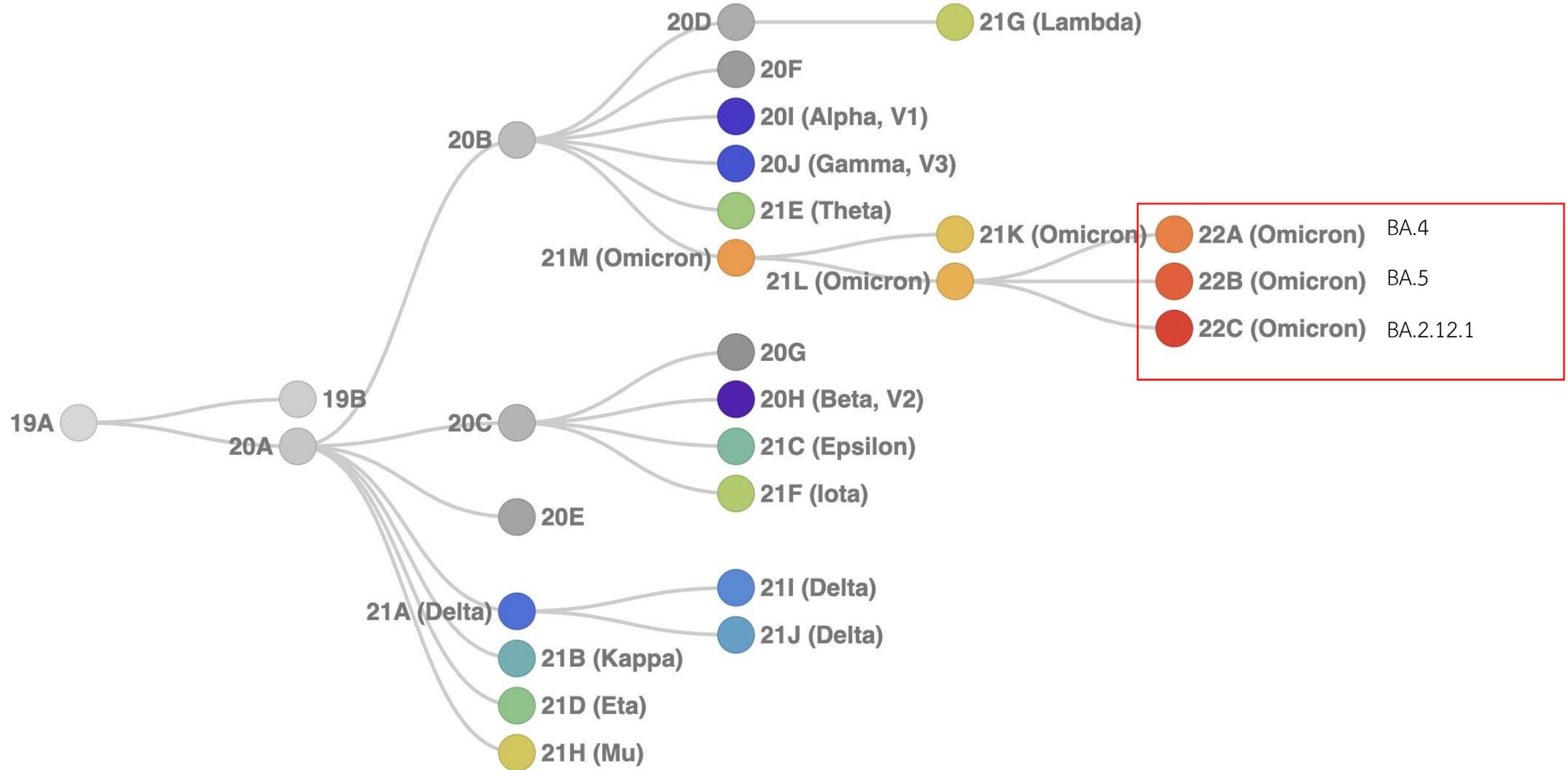


Cornelius Roemer
@CorneliusRoemer

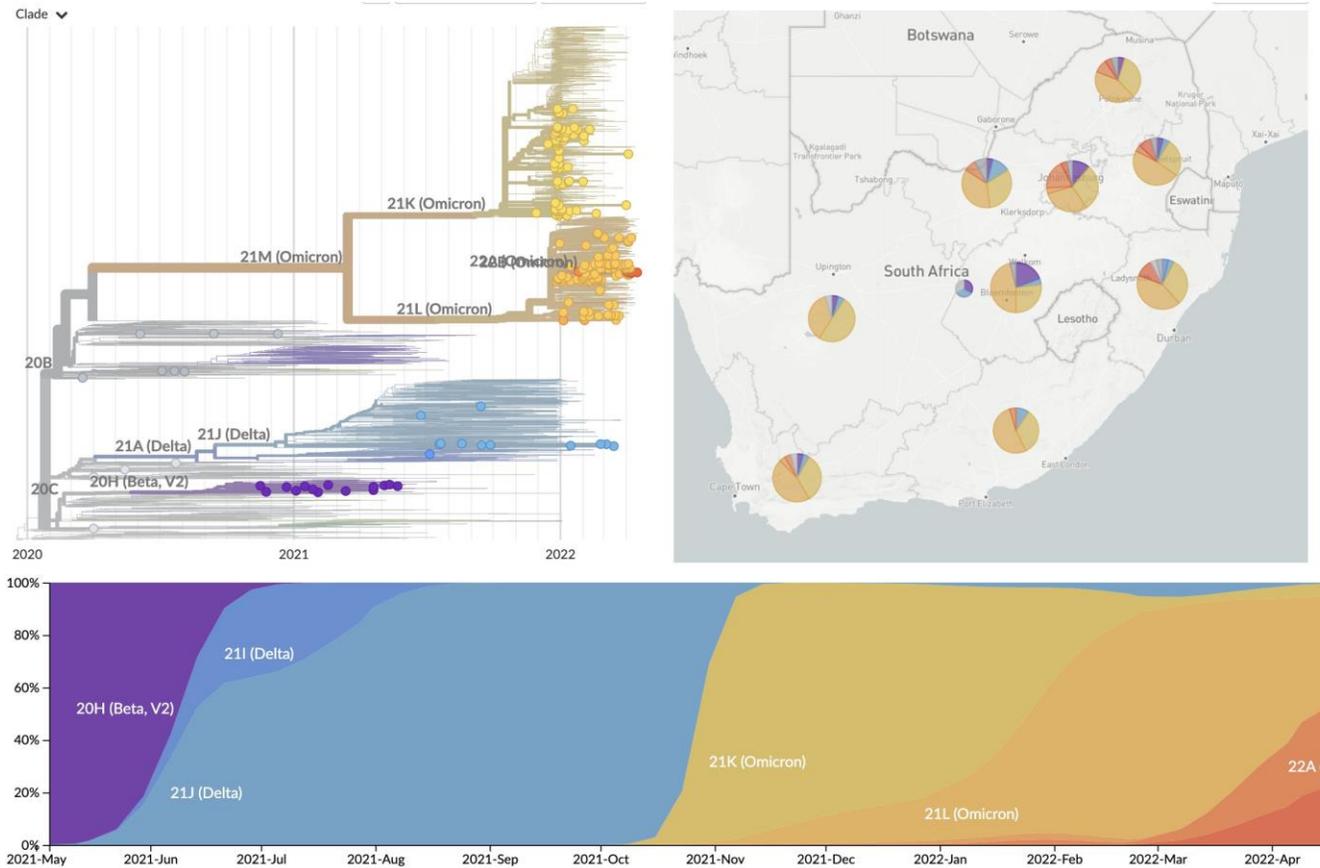
Bioinformatics 🧬 Viral 🌱 Evolution 📊 with @richardneher @biozentrum
 Physicist 🎓 educated @Cambridge_Uni @MIT @KU_Leuven @MRC_LMB
 Science & Technology 🇨🇭 Switzerland github.com/corneliusroemer



Nextstrain updated on 30th Apr

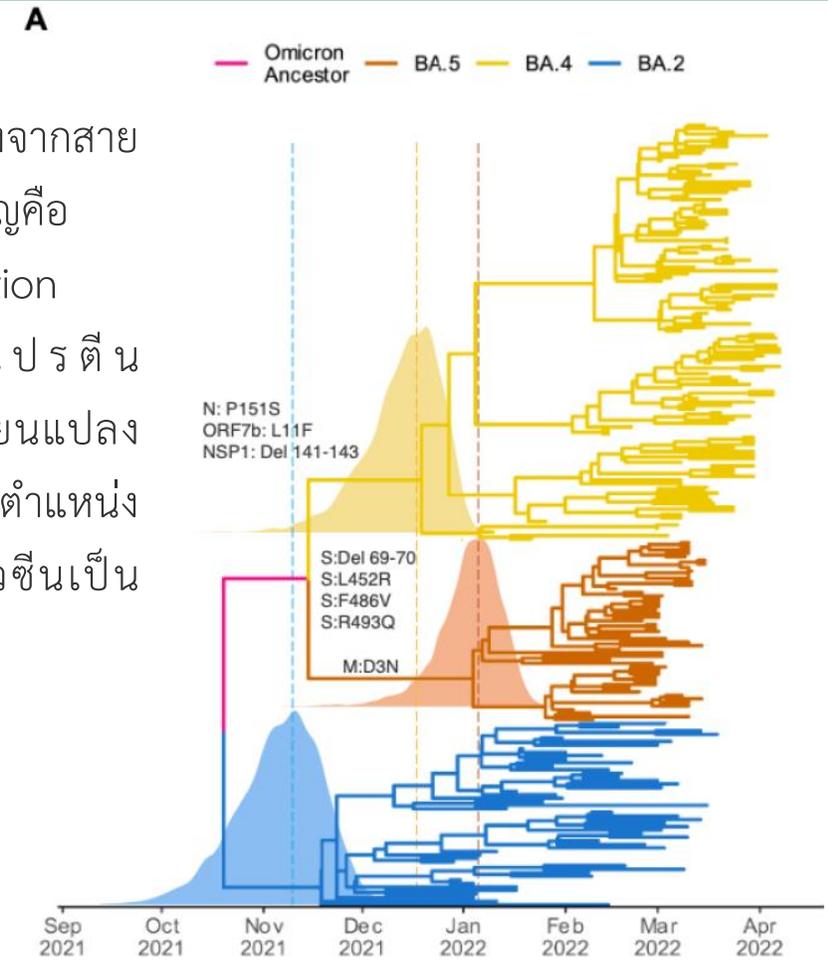


BA.4 และ BA.5



การกลายพันธุ์ต่างจากสายพันธุ์ BA.2 ที่สำคัญคือ

- 69-70 deletion
- L452R บน โป ร ติน หนาม (เปลี่ยนแปลงกรดอะมิโนที่ตำแหน่ง 452 จากกลิวซีนเป็นอาร์จินีน)

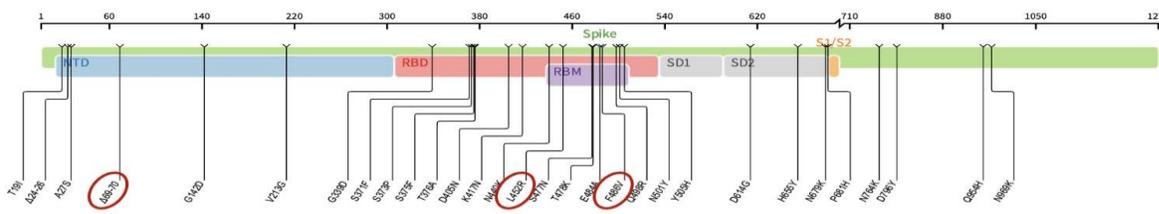


เดือนเมษายน 2565 องค์การอนามัยโลก ระบุสายพันธุ์โอมิครอนที่กำลังเฝ้าจับตา คือ เชื้อสายพันธุ์ย่อยใหม่ BA.4 และ BA.5 ซึ่งมีการระบาดในบอตสวานา แอฟริกาใต้ เยอรมัน เดนมาร์ก รวมถึงประเทศอื่นๆ หลังจากพบสายพันธุ์ย่อย BA.4 และ BA.5 ครั้งแรกในประเทศแอฟริกาใต้เมื่อเดือนมกราคม และกุมภาพันธ์ 2565 ตามลำดับ

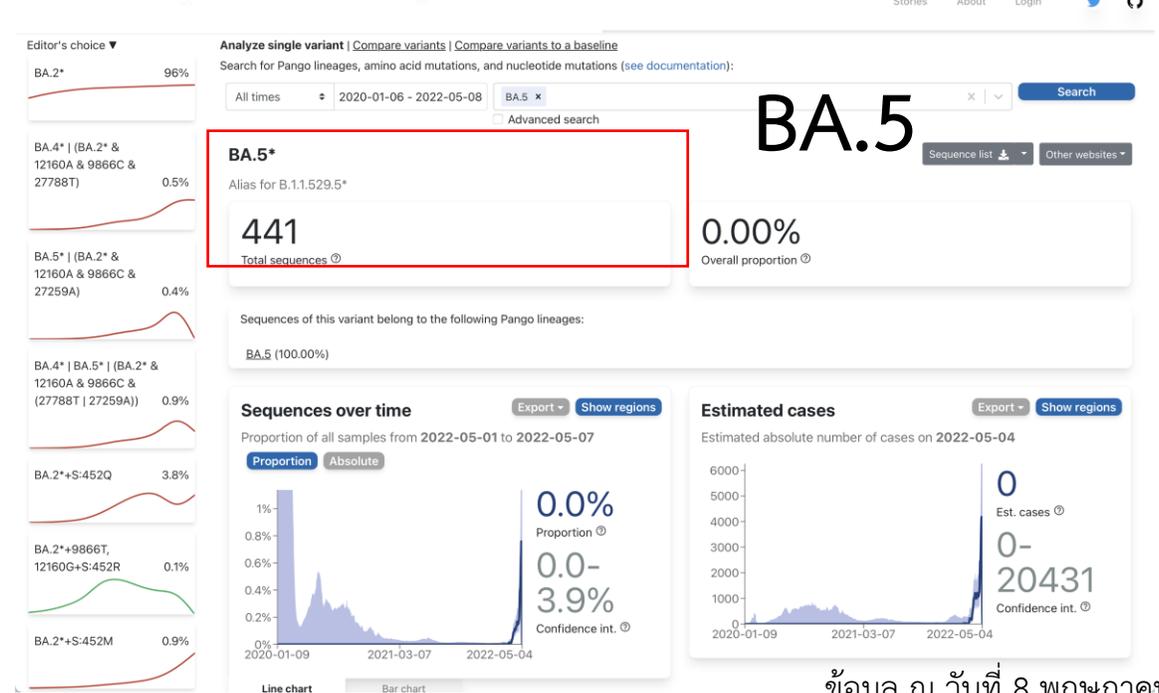
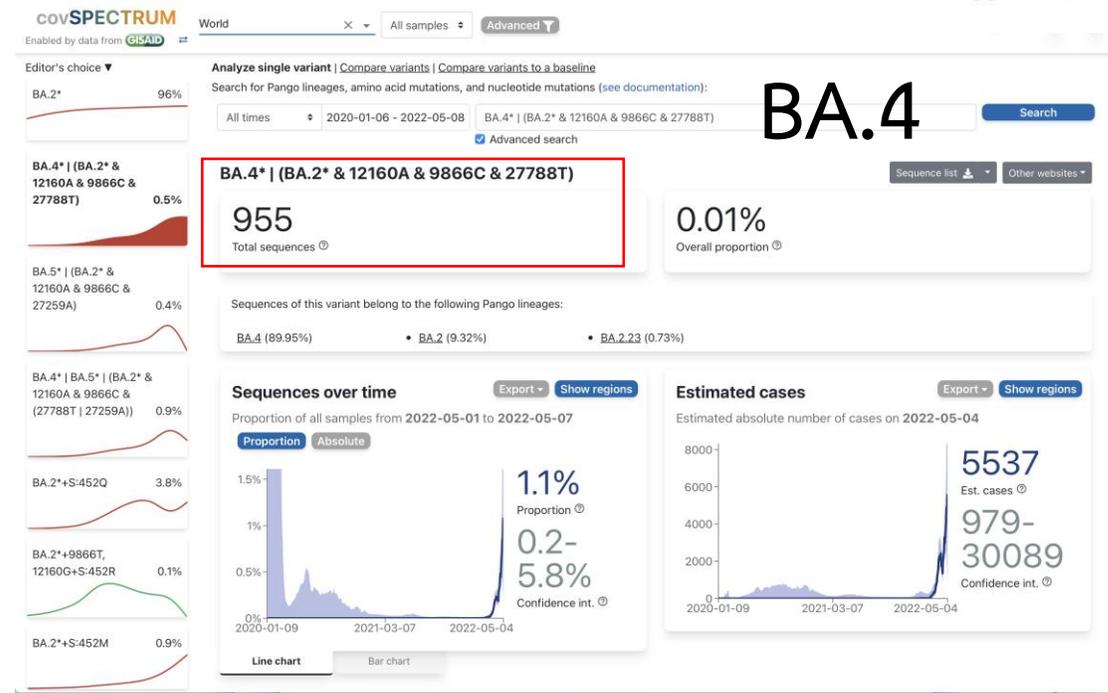


Omicron BA.4 & BA.5 were recently designated lineages of Omicron. Bayesian phylogenetic methods revealed that BA.4 and BA.5 are distinct from other Omicron lineages. BA.4 and BA.5 are estimated to have originated in mid-December 2021 and early January 2022, respectively.

Spike mutation profile for BA.4 & BA.5



- BA.4 and BA.5 share a similar spike profile as BA.2, except for
 - Additional mutations: **69-70del**, **L452R**, **F486V**
 - Reversion to wild type: **Q493** (Q493R in BA.1, BA.2 and BA.3)



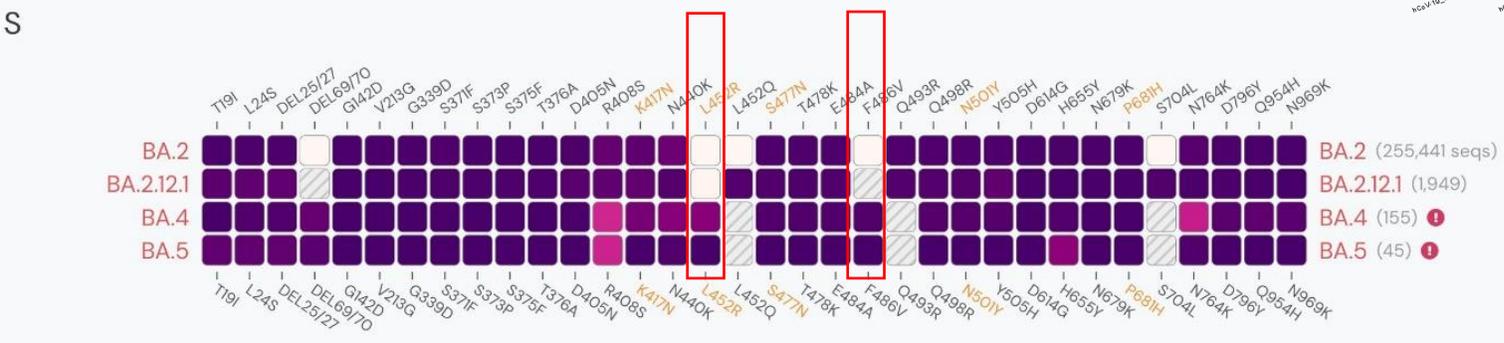
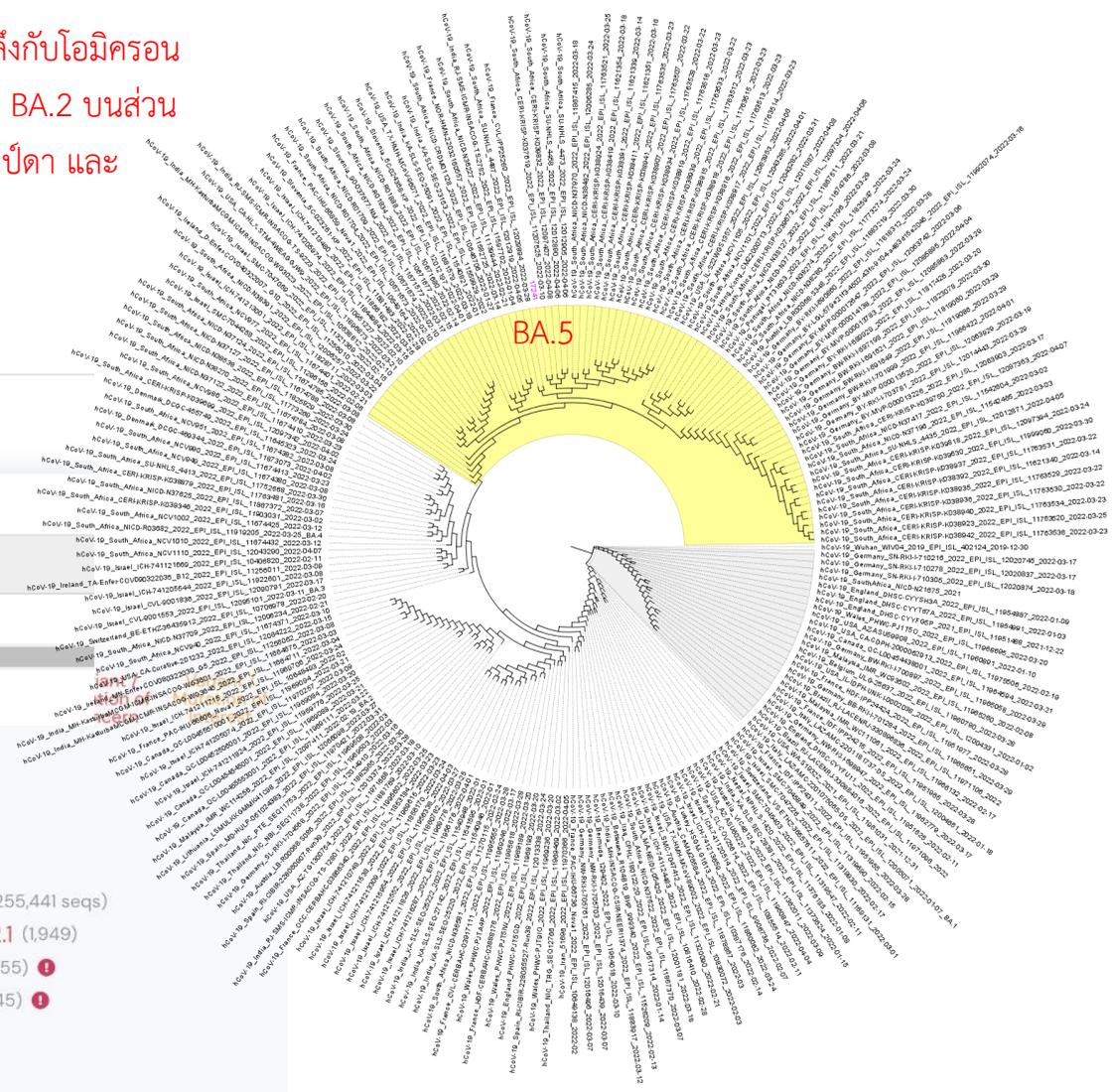
BA.5 พบในผู้เดินทางเข้าราชอาณาจักรไทย

- ประเทศต้นทาง : บราซิล
- สัญชาติ : บราซิล
- วันที่เก็บตัวอย่าง 12 เมษายน 2565

สายพันธุ์ BA.4 และ BA.5 มีรหัสพันธุกรรมคล้ายคลึงกับโอไมครอน "BA.2" มาก มีการกลายพันธุ์ที่ต่างไปจากโอไมครอน BA.2 บนส่วนของหนามคือ L452R ที่เหมือนกับเดลต้า และ แลมป์ตา และ F486V ซึ่งพบไม่มากในสายพันธุ์อื่นๆ

Reset entries
Upload another file

File name	Sequence name	Lineage
— ANALYSED (Click tick icon for more info) 1 sequence		
✓ 17241.fas	17241	BA.5



BA.2.12 ทั่วโลก

BA.2.12

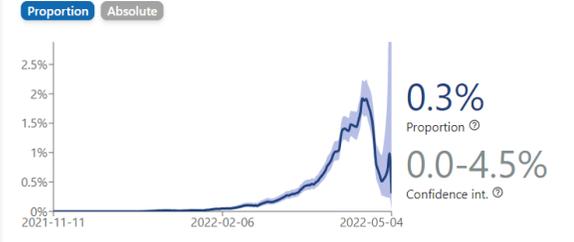
Alias for B.1.1.529.2.12

6893
Total sequences

0.15%
Overall proportion

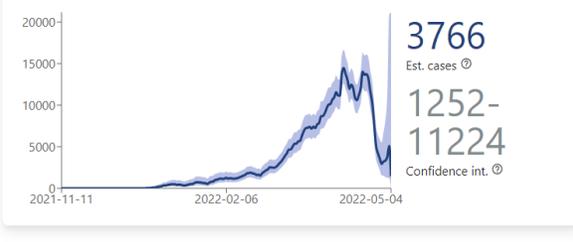
Sequences over time

Proportion of all samples from 2022-05-01 to 2022-05-07



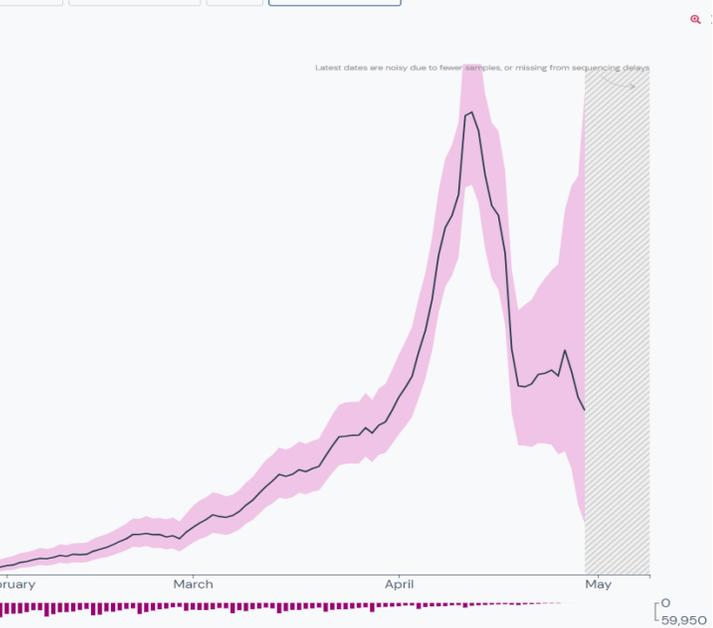
Estimated cases

Estimated absolute number of cases on 2022-05-02



Average daily BA.2.12 prevalence globally

Based on reported sample collection date



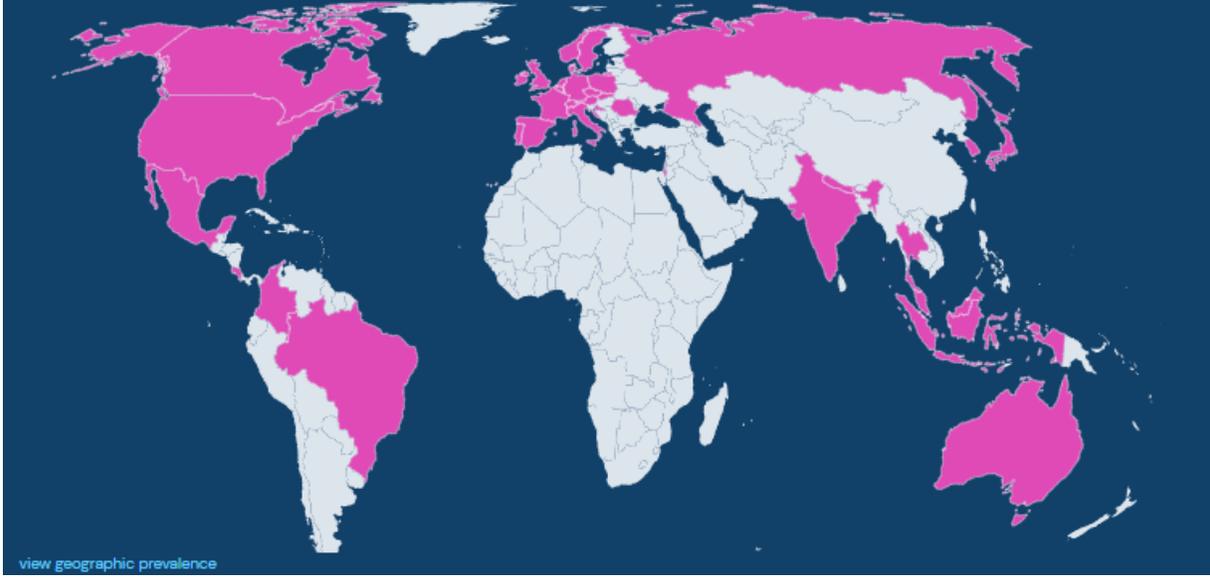
As of 6 May 2022 02:26 AM, 4,452 sequences in the BA.2.12 lineage have been detected since the lineage was identified:

location	BA.2.12 found		when found**	
	total	cumulative prevalence*	first	last
United States	1,969	< 0.5%	5 Jan 2022	25 Apr 2022
Worldwide	4,452	< 0.5%	6 Dec 2021	25 Apr 2022
California, United States	74	< 0.5%	16 Jan 2022	16 Apr 2022
Thailand	2	< 0.5%	15 Jan 2022	15 Apr 2022

* Apparent cumulative prevalence is the ratio of the sequences containing BA.2.12 to all sequences collected since the identification of BA.2.12 in that location. ** Dates are based on the sample collection date

Read about biases

The strain has been detected in at least 40 countries and 46 U.S. states.





BA.2.12 พบในผู้เดินทางเข้าราชอาณาจักรไทย

GISAID © 2008 - 2022 | Terms of Use | Privacy Notice | Contact

Registered Users EpiFlu™ **EpiCoV™** My profile

EpiCoV™ Search Downloads Upload

Search Reset filters

EPI_ISL ID Virus name Complete [?]

Location Host

Collection to Submission to High coverage [?]

Clade Lineage Substitutions [?] Variant Low coverage excluded [?]

With patient status [?]

Collection date complete [?]

Under investigation

<input type="checkbox"/>	Virus name	Passage de	Accession ID	Collection da	Submission C	Length	Host	Location	Originating
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Thailand/NIC_BKK_16858/2022	Original	EPI_ISL_12292661	2022-04	2022-04-26	29,453	Human	Asia / Thailand /	
<input checked="" type="checkbox"/>	hCoV-19/Thailand/NIC_BKK_SEQ3071/2022	Original	EPI_ISL_10502280	2022-01	2022-03-01	29,783	Human	Asia / Thailand /	

Total: 2 viruses << < 1 > >> EPI_SET Select Analysis Download

Important note: In the GISAID EpiFlu™ Database Access Agreement, you have accepted certain terms and conditions for viewing and using data regarding influenza viruses. To the extent the Database contains data relating to non-influenza viruses, the viewing and use of these data is subject to the same terms and conditions, and by viewing or using such data you agree to be bound by the terms of the GISAID EpiFlu™ Database Access Agreement in respect of such data in the same manner as if they were data relating to influenza viruses.

- ประเทศต้นทาง : อินเดีย
- สัญชาติ : อินเดีย
- วันที่เก็บตัวอย่าง : มกราคม 2565

Virus detail

Virus name: hCoV-19/Thailand/NIC_BKK_SEQ3071/2022

Accession ID: EPI_ISL_10502280

Type: betacoronavirus

Clade: GRA

Pango Lineage: BA.2.12 (Pango v.4.0.6 PLEARN-v1.8), Omicron (BA.2-like) (Scorpio)

AA Substitutions: Spike A27S, Spike D405N, Spike D614G, Spike D796Y, Spike E484A, Spike G142D, Spike H655Y, Spike L N440K, Spike N501Y, Spike N679K, Spike N764K, Spike N969K, Spike P25del, Spike P26del, Spike P681H, Spike Q493R, Spike Q498R, Spike Q954H, Spike R408S, Spike S371F, Spike S373P, Spike S375F, Spike S477N, Spike S704L, Spike T19I, Spike T376A, Spike T478K, Spike V213G, Spike Y505H, E T9I, M A63T, N E31del, N G P13L, N R32del, N R203K, N S33del, N S413R, NS3 T223I, NSP1 S135R, NSP3 G489S, NSP3 T24I, NSP NSP4 L438F, NSP4 T327I, NSP4 T492I, NSP5 P132H, NSP6 F108del, NSP6 G107del, NSP6 S106del, NSP NSP14 I42V, NSP15 T112I

Variant: VOC Omicron GRA (B.1.1.529+BA.*) first detected in Botswana/Hong Kong/South Africa

- ประเทศต้นทาง : แคนาดา
- สัญชาติ : แคนาดา
- วันที่เก็บตัวอย่าง : เมษายน 2565

Virus detail

Virus name: hCoV-19/Thailand/NIC_BKK_16858/2022

Accession ID: EPI_ISL_12292661

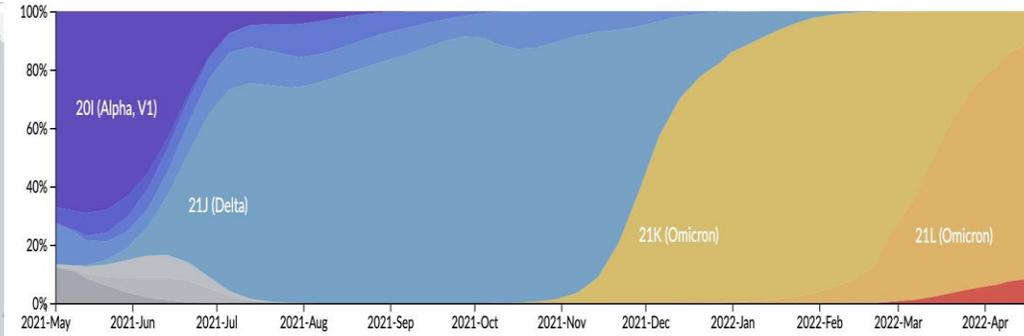
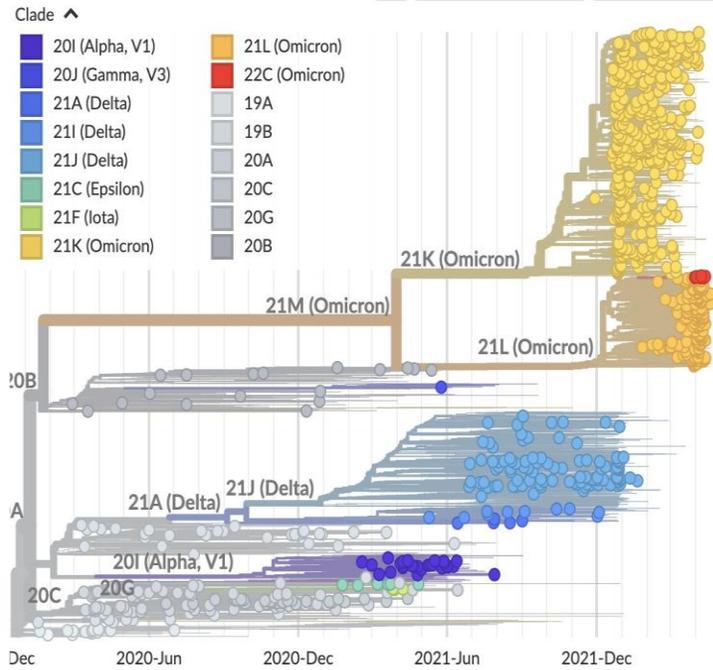
Type: betacoronavirus

Clade: GRA

Pango Lineage: BA.2.12 (Pango v.4.0.6 PLEARN-v1.8), Omicron (BA.2-like) (Scorpio)

AA Substitutions: Spike A27S, Spike D405N, Spike D614G, Spike D796Y, Spike E484A, Spike G142D, Spike G339D, Spike H6 K417N, Spike L24del, Spike L452Q, Spike N440K, Spike N501Y, Spike N679K, Spike N764K, Spike N969K, S P25del, Spike P26del, Spike P681H, Spike Q493R, Spike Q498R, Spike Q954H, Spike R408S, Spike S371F, S373P, Spike S375F, Spike S477N, Spike S704L, Spike T19I, Spike T376A, Spike T478K, Spike V213G, Spik T9I, M A63T, M O19F, N E31del, N G204R, N P13I, N R32del, N R203K, N S33del, NS3 T223I, NSP1 S135R, NSP

BA.2.12.1



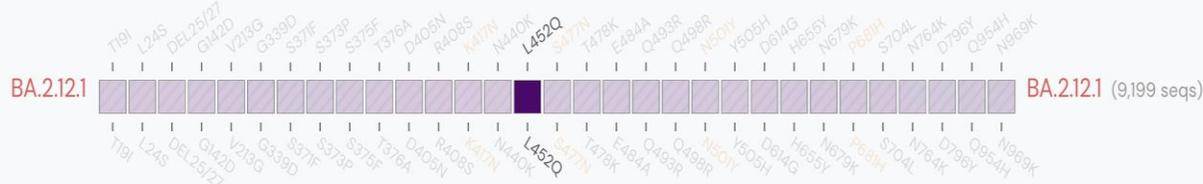
- พบในสหรัฐฯ ครั้งแรกเมื่อเดือนกุมภาพันธ์ 2022 มีแนวโน้มระบาดเพิ่มขึ้น ส่วนประเทศอื่นที่มีรายงาน เช่น แคนาดา อินเดีย ยังพบเป็นสัดส่วนน้อย
- การกลายพันธุ์เพิ่มจากสายพันธุ์ BA.2 ที่สำคัญคือ L452Q บนโปรตีนหนาม คือ มีการเปลี่ยนแปลงกรดอะมิโนที่ตำแหน่ง 452 จาก ลิวซีนเป็นกลูตามีน ซึ่งอาจทำให้ไวรัสหลบหลีกภูมิคุ้มกันได้มากขึ้น

Mutation prevalence across lineages

Mutations with > 75% prevalence in at least one lineage.

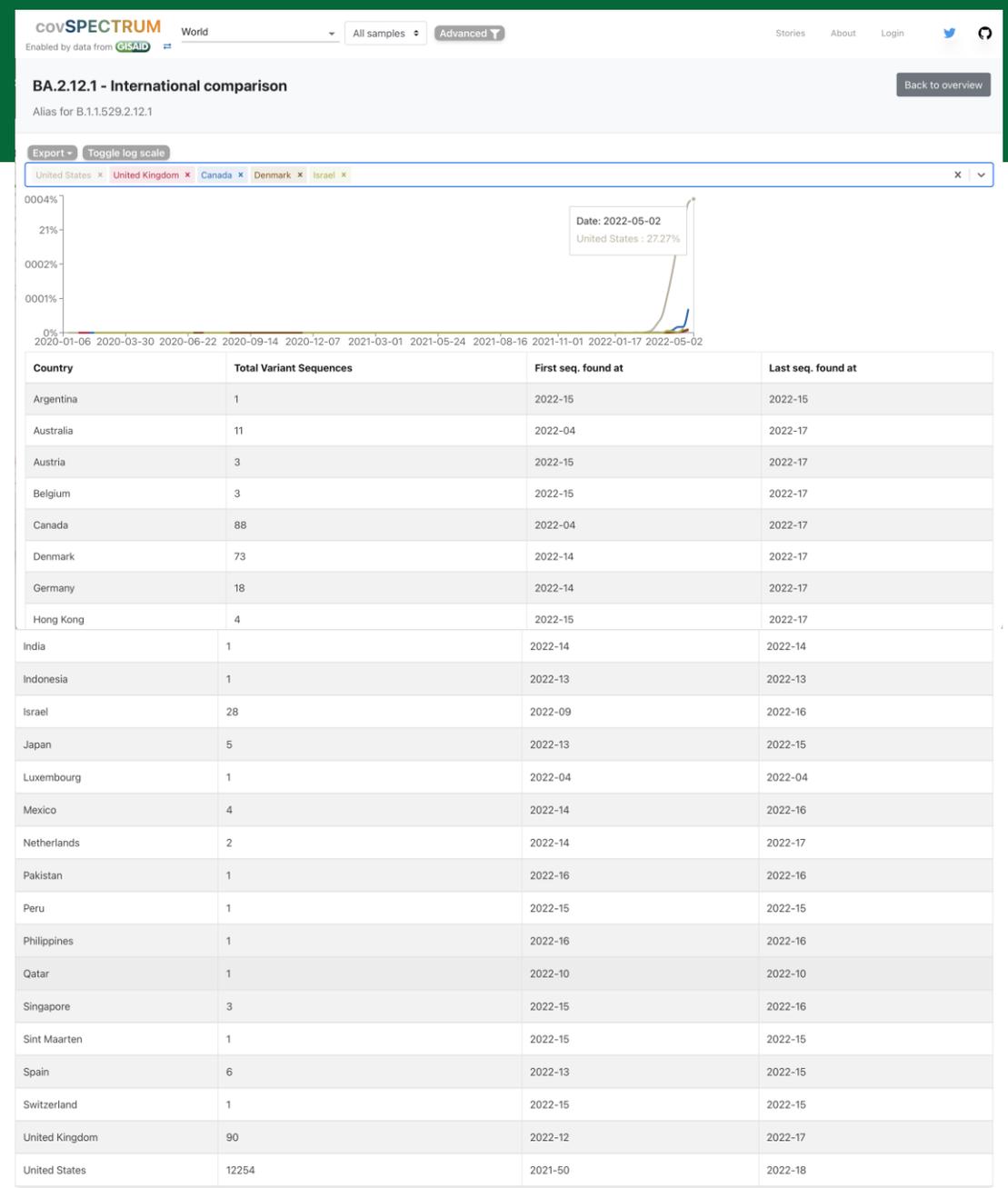
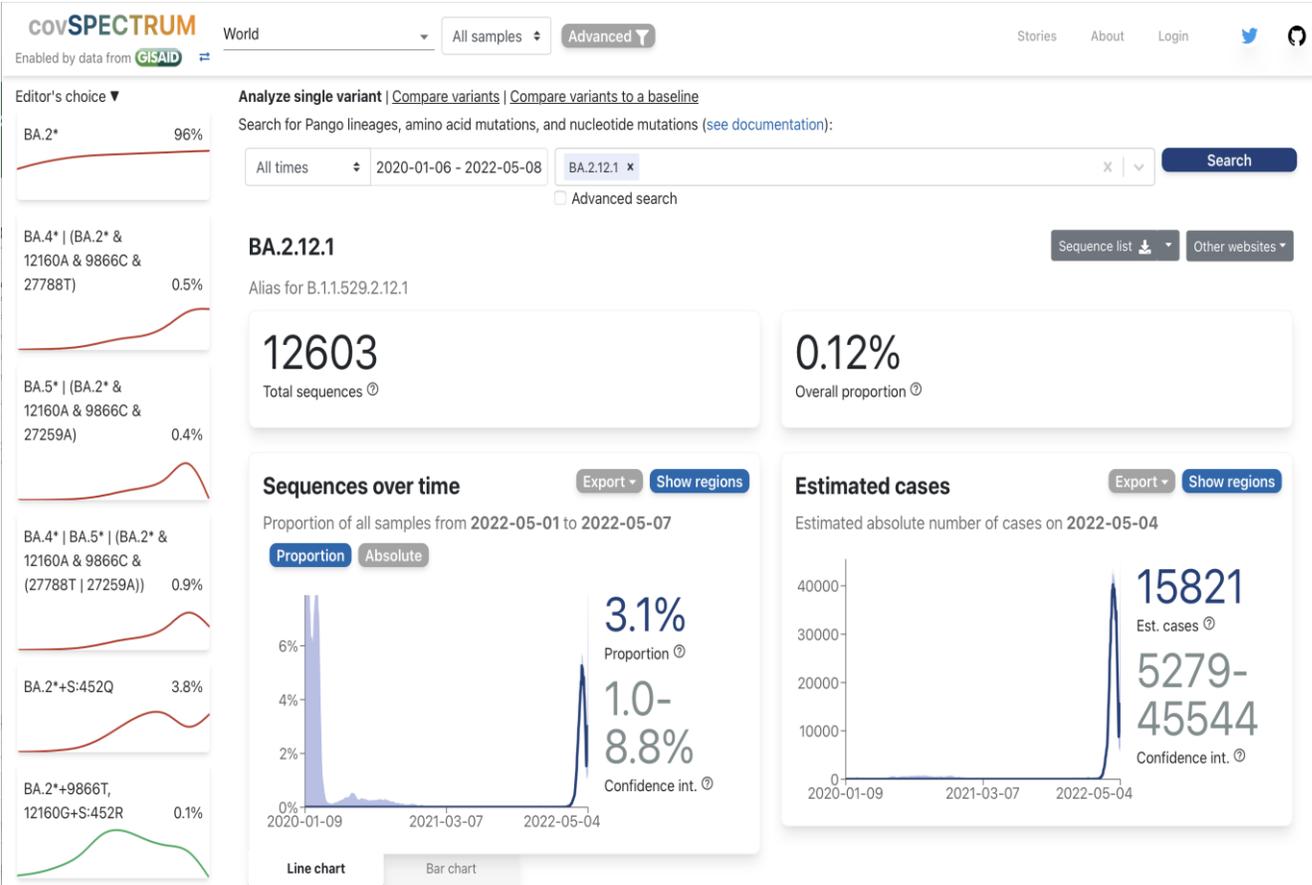
S

CHANGE LINEAGES





BA.2.12.1 ทั่วโลก



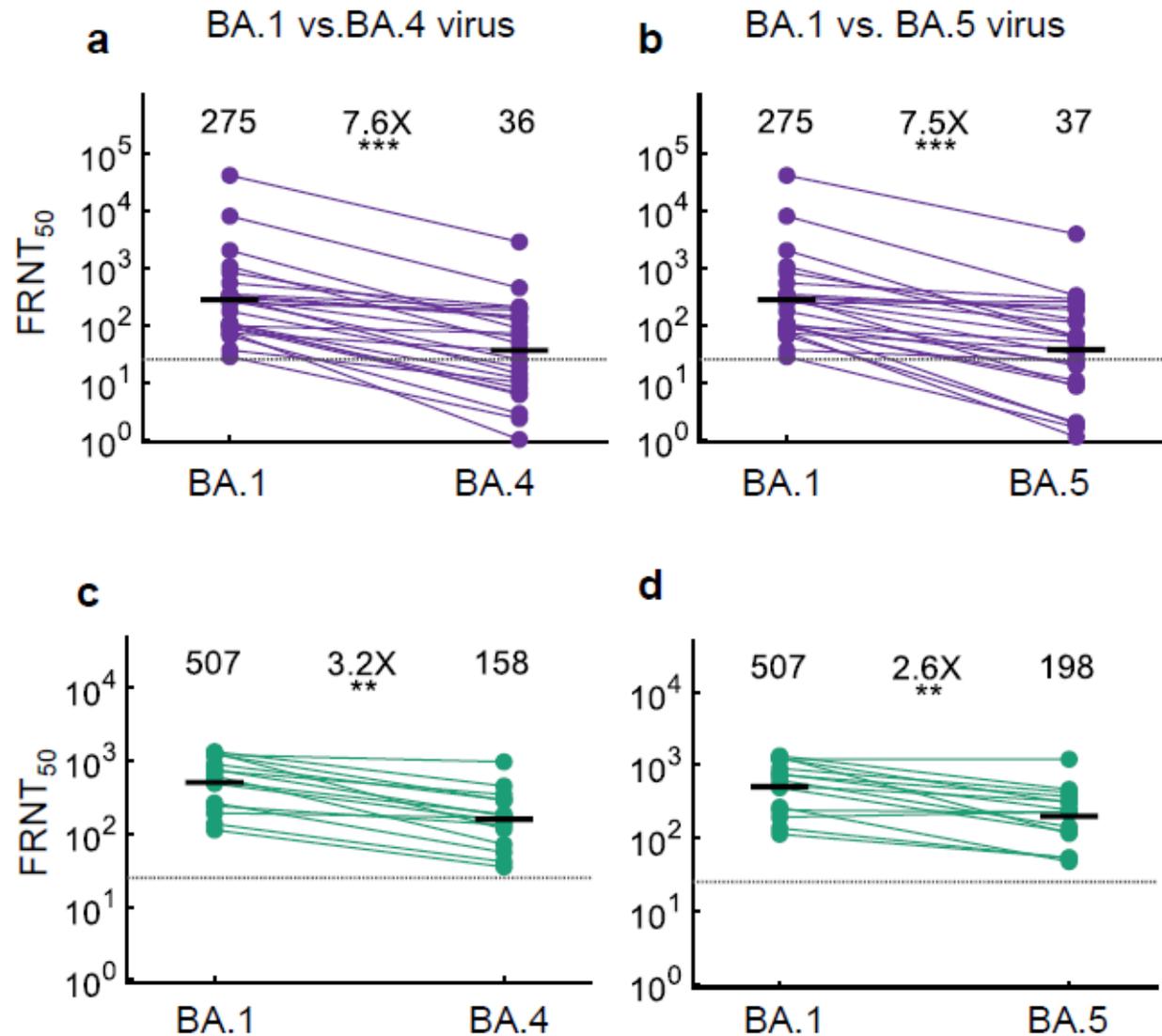
Omicron sub-lineages BA.4/BA.5 escape
BA.1 infection elicited neutralizing
immunity, Alex Sigal



Alex Sigal
@sigallab

All participants infected in BA.1 infection wave in South Africa

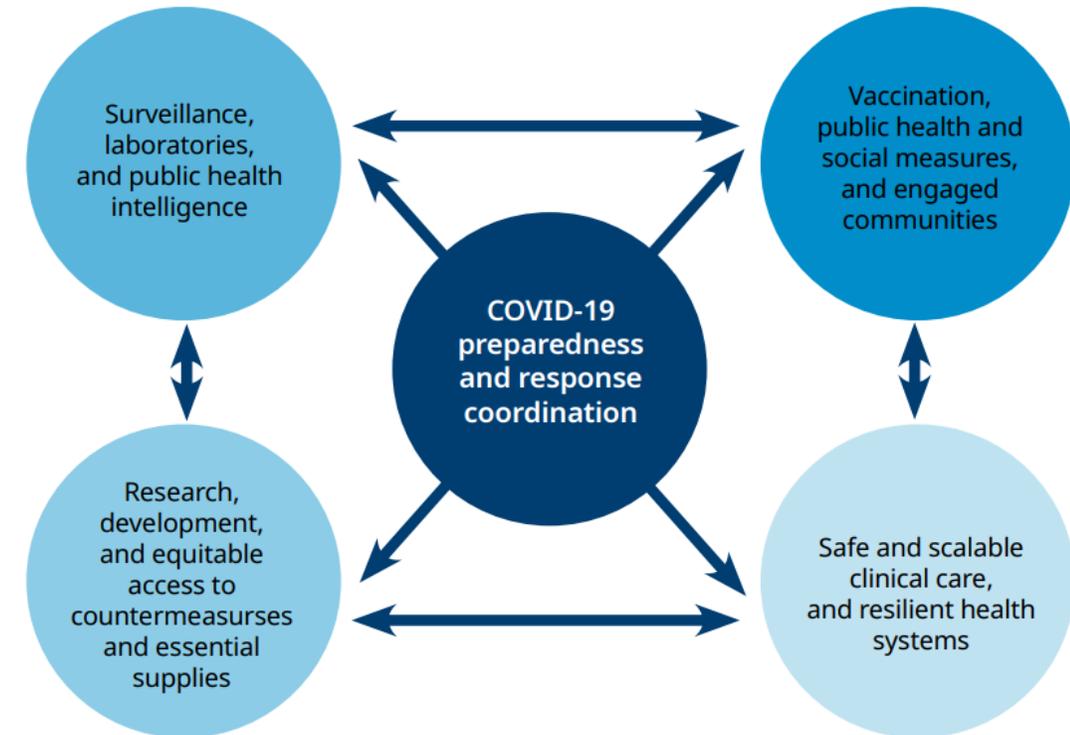
● Unvaccinated ● Vaccinated



องค์การอนามัยโลกแนะนำการบูรณาการ 5 ระบบบริการสุขภาพ ในการยุติภาวะฉุกเฉินด้านสุขภาพระดับโลกของ COVID-19

1. ระบบเฝ้าระวัง การตรวจทางห้องปฏิบัติการ และการกำหนดนโยบายด้านสาธารณสุข จากจำนวนผู้ติดเชื้อรายใหม่ที่ลดลงทั่วโลก ส่งผลให้แต่ละประเทศมีการปรับนโยบายการเฝ้าระวังทางระบาดวิทยา รวมถึงการสวมหน้ากาก อย่างไรก็ดี องค์การอนามัยโลกยังแนะนำให้เฝ้าระวังการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์เชื้อ SARS-CoV-2 อย่างเข้มงวดและต่อเนื่อง
2. การให้วัคซีน มาตรการด้านสาธารณสุขและด้านสังคม และการมีส่วนร่วมของชุมชน
3. ระบบบริการสุขภาพที่มีคุณภาพและความปลอดภัย ให้ความสำคัญในการพัฒนาเชิงระบบภาพใหญ่ เตรียมความพร้อม มีการบริหารจัดการที่ดี มีการประสานความร่วมมือ
4. การวิจัย พัฒนา และการเข้าถึงมาตรการจัดการด้านสุขภาพรวมถึงเวชภัณฑ์ที่จำเป็นอย่างเท่าเทียมกัน
5. ความร่วมมือของทุกภาคส่วนในการเตรียมความพร้อมตอบโต้สถานการณ์ระบาดของโรคโควิด 19

Figure 3 | Five core components of COVID-19 preparedness, readiness and response



ตารางแสดงตำแหน่งกลายพันธุ์ สำหรับการทดสอบ SNP genotyping assay

Omicron	G339D	Q493R	del69/70	L452R	L452Q
BA.1	+	+	+	-	-
BA.2	+	+	-	-	-
BA.2.12.1	+	+	-	-	+
BA.3	+	+	+	-	-
BA.4	+	-	+	+	-
BA.5	+	-	+	+	-

1. การติดเชื้อในประเทศไทยเป็นสายพันธุ์ Omicron 100%
2. สายพันธุ์ย่อย Omicron เป็น BA.2 = 97.6%
3. การถอดรหัสพันธุกรรมทั้งตัว (WGS) ในประเทศไทยพบ BA.5 จำนวน 1 ราย สัญชาติบราซิล และ BA.2.12 จำนวน 2 ราย สัญชาติอินเดีย และแคนาดา แต่ยังไม่พบ BA.2.12.1
4. การตรวจสอบสายพันธุ์ที่เป็น Hybrid (X...) ทาง GSAID ยังไม่กำหนดว่าตัวอย่างจากประเทศไทย เข้าได้กับ X ใดๆ
5. สายพันธุ์ย่อยทั้งหมดยังไม่มีข้อมูลมากพอ ยังต้องติดตามดูในเรื่อง ความสามารถในการแพร่เชื้อ ความรุนแรง และการหลบหลีกภูมิ ต่อไป
6. ในผู้ที่เคยติดเชื้อ BA.1 พบว่าภูมิคุ้มกันไม่สามารถป้องกัน BA.4/BA.5 ได้มากพอ แต่ในผู้ติดเชื้อที่เคยฉีดวัคซีน ภูมิยังสามารถป้องกัน BA.4/BA.5 ได้มากกว่า
7. กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ จะทำการตรวจเฝ้าระวังสายพันธุ์แบบ SNP/Deletion ในทุกศูนย์วิทยาศาสตร์การแพทย์ทั่วประเทศ เพื่อดูสถานการณ์ BA.4, BA.5 และ BA.2.12.1 ต่อไป และทำการตรวจ WGS ทุกสายพันธุ์ในทุกสัปดาห์

ขอบคุณครับ



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
DEPARTMENT OF MEDICAL SCIENCES