



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Sciences



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
DEPARTMENT OF MEDICAL SCIENCES

ข้อมูลการจำแนกตามสายพันธุ์ที่เฝ้าระวัง และการกลายพันธุ์ของเชื้อ

โดย นายแพทย์ศุภกิจ ศิริลักษณ์
อธิบดีกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์

24 มิถุนายน 2565



Variants of concern (VOC)

Working definition:

A SARS-CoV-2 variant that meets the definition of a VOI (see below) and, through a comparative assessment, has been demonstrated to be associated with one or more of the following changes at a degree of global public health significance:

- **Increase in transmissibility** or detrimental change in COVID-19 epidemiology; OR
- **Increase in virulence** or change in clinical disease presentation; OR
- **Decrease in effectiveness** of public health and social measures or available diagnostics, vaccines, therapeutics.

Currently	WHO label	Pango lineage*	GISAID clade	Nextstrain clade	Additional amino acid changes monitored°	Earliest documented samples	Date of designation
	Omicron*	B.1.1.529	GR/484A	21K, 21L, 21M, , 22A, 22B, 22C	+S:R346K +S:L452X +S:F486V	Multiple countries, Nov-2021	VUM: 24-Nov-21 VOC: 26-Nov-21

Previously	WHO label	Pango lineage*	GISAID clade	Nextstrain clade	Earliest documented samples	Date of designation
	Alpha	B.1.1.7	GRY	20I (V1)	United Kingdom, Sep-2020	VOC: 18-Dec-2020 Previous VOC: 09-Mar-2022
	Beta	B.1.351	GH/501Y.V2	20H (V2)	South Africa, May-2020	VOC: 18-Dec-2020 Previous VOC: 09-Mar-2022
	Gamma	P.1	GR/501Y.V3	20J (V3)	Brazil, Nov-2020	VOC: 11-Jan-2021 Previous VOC: 09-Mar-2022
	Delta	B.1.617.2	G/478K.V1	21A, 21I, 21J	India, Oct-2020	VOI: 4-Apr-2021 VOC: 11-May-2021 Previous VOC: 7-Jun-

VOC lineages under monitoring (VOC-LUM)

Working definition:

A variant that, according to phylogenetic analysis, belongs to a currently circulating VOC

AND

shows signals of transmission advantage compared to other circulating VOC lineages

AND

has additional amino acid changes that are known or suspected to confer the observed change in epidemiology and fitness advantage as compared to other circulating variants.

*VOC-LUMs are tracked under Omicron unless/until sufficient evidence arises that the virus characteristics are substantially different from what is known about the VOC they belong to. If this evidence arises, WHO will decide, in consultation with the TAG-VE, if designation of the emerging variant warrants a separate WHO label.

these lineages have identical constellation of mutations in the spike and the following differences outside the spike: BA.4: ORF7b:L111F, N:P151S; BA.5: M:D3N. Both have reversions at nsp4: L438 and ORF6:D61

§these lineages have identical constellation of mutations in the spike and the following differences outside the spike: BA.2.9.1: ORF3a:H78Y, N: P67S, N: S412I

Pango lineage	GISAID clade	Nextstrain clade	Relationship to circulating VOC lineages	Genetic features	Earliest documented samples
BA.4#	GRA22A	22A	BA.1 and BA.2 sister lineage	BA.2-like constellation in the spike protein + S:del69/70, S:L452R, S:F486V, S:Q493 reversion	South Africa, Jan-2022
BA.5#	GRA	22B	BA.1 and BA.2 sister lineage	BA.2-like constellation in the spike protein + S:del69/70, S:L452R, S:F486V, S:Q493 reversion	South Africa, Jan-2022
BA.2.12.1	GRA	22C	BA.2 sublineage	BA.2 + S:L452Q, S:S704F	United States of America, Dec-2021
BA.2.9.1§	GRA	-	BA.2 sublineage	BA.2 + S:L452M	Multiple countries, Feb-2022
BA.2.11**	GRA	-	BA.2 sublineage	BA.2 + S:L452R	Multiple countries, Mar-2022
BA.2.13§	GRA	-	BA.2 sublineage	BA.2 + S:L452M	Multiple countries, Feb-2022

VOC-LUM Sub-lineage

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

Mutation prevalence in lineage

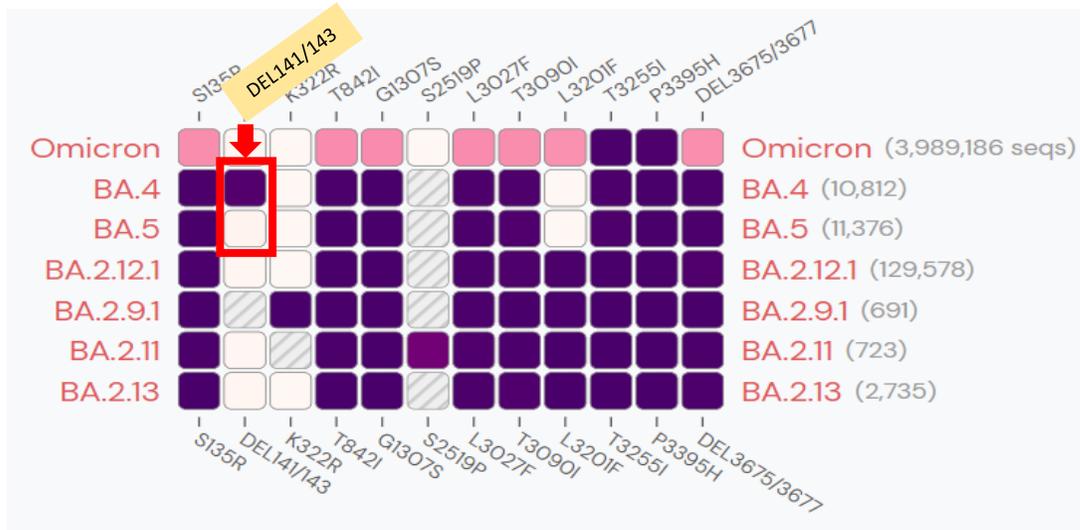


not detected

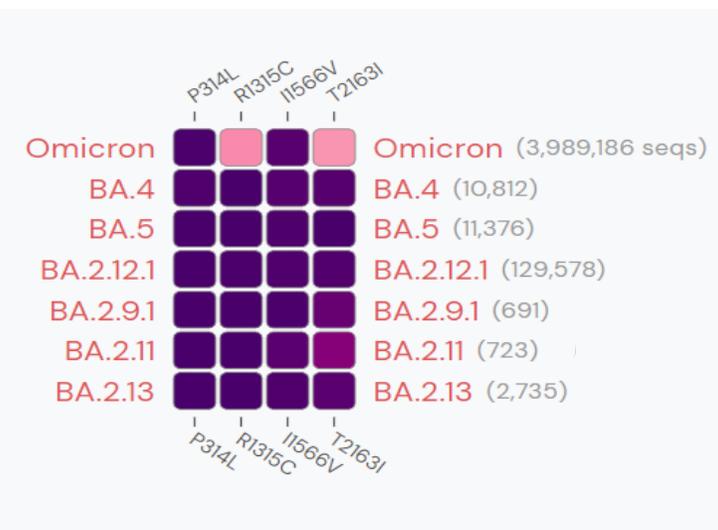
Variant / Mutation of Concern

Variant / Mutation of Interest

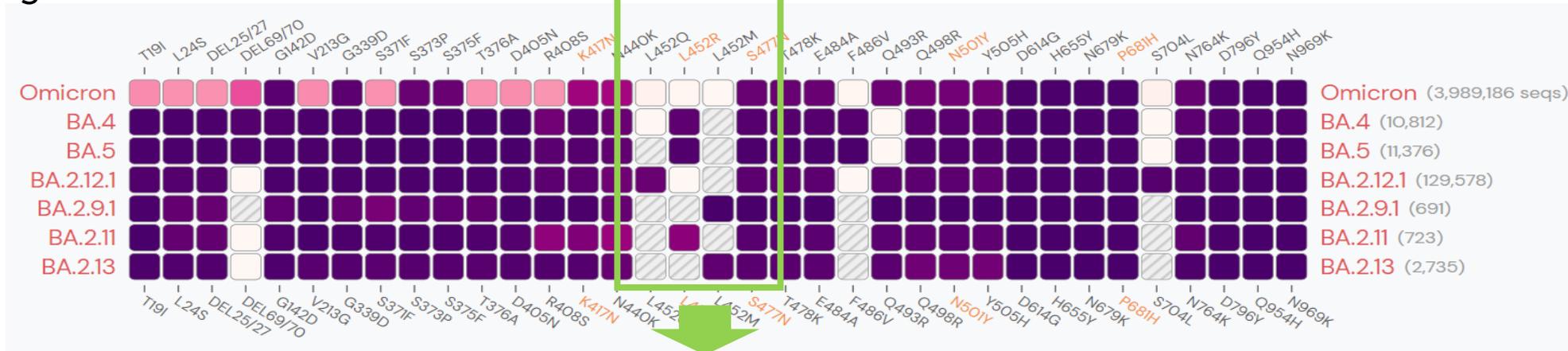
ORF1a



ORF1b



S



มีการกลายพันธุ์เพิ่มขึ้นที่ตำแหน่ง L452R เช่นเดียวกับ B.1.617.2 (Delta)

Global Situation of BA.4, BA.5

Lineages	Prevalence		
	Detected countries	Previous week (6-12JUN)	This week (13-19JUN)
BA.5	62	16%	25%
BA.4	58	16%	9%
BA.2.12.1	69	31%	17%

Multiple countries report co-circulation of BA.2.12.1, BA.4 and BA.5.

The prevalence of VOC-LUMs BA.2.9.1, BA.2.11 and BA.2.13 (all carrying the S:L452 mutation) is <1%.

Prevalence ของ BA.5 เพิ่มขึ้น 

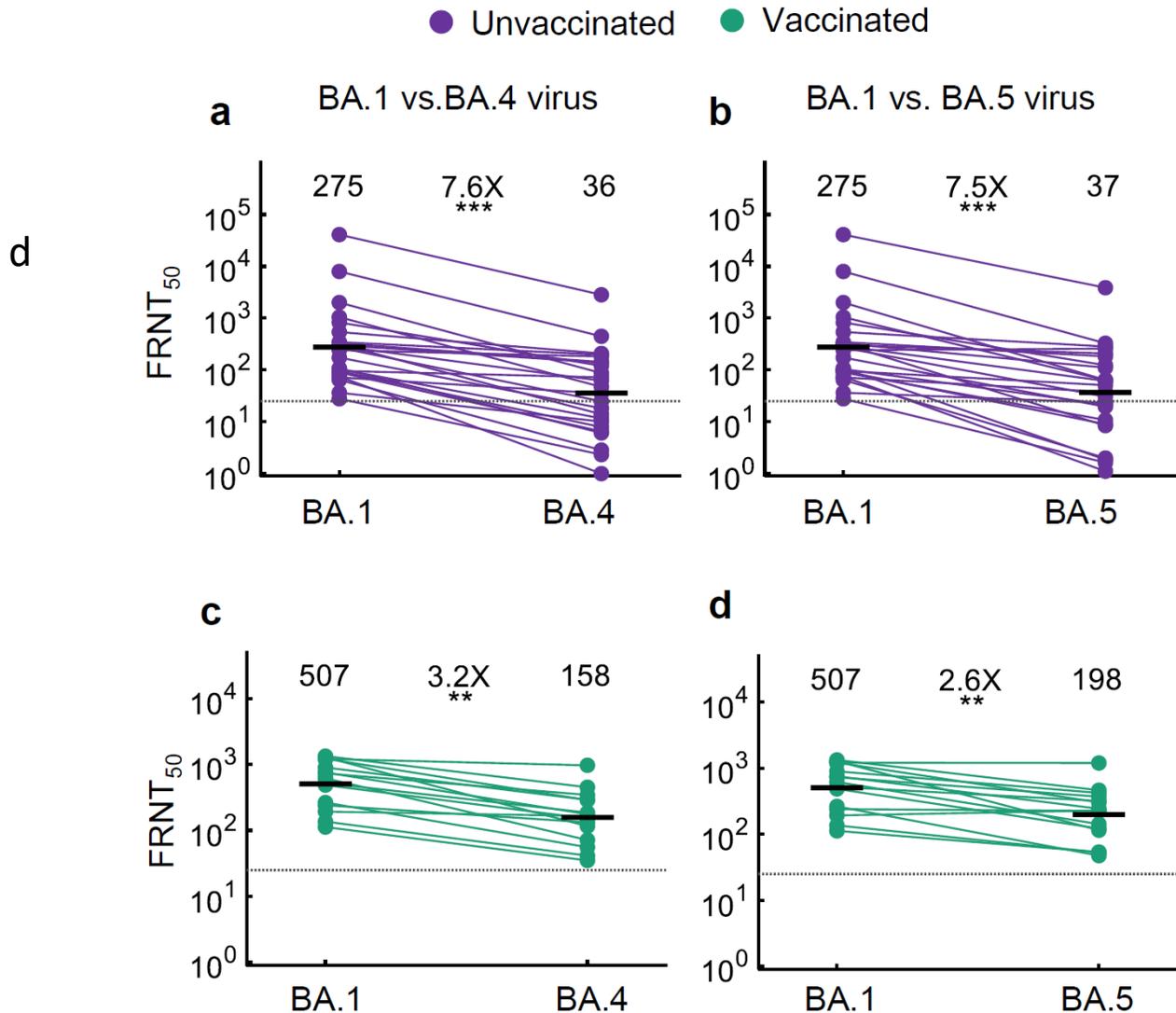
Prevalence ของ BA.4 และ
BA.2.12.1 ลดลง 

COVID-19 Weekly Epidemiological Update

Edition 97, published 22 June 2022

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 ³	Growth advantage over BA.2 ³
Disease severity	Overall evidence suggests lower severity despite contrasting evidence. Earlier studies reported lower severity compared to Delta. ⁴⁻⁸ However, more recent studies in different settings reported similar ^{9,10} or increased severity ¹¹ compared to Delta. ^{4-8,12 13}	No difference in disease severity compared to BA.2 ¹⁴	No 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	Currently available evidence does not suggest a difference in disease severity compared to BA.1 ^{16,17}
Risk of reinfection	Reduced risk of Omicron reinfection among individuals previously infected with a different SARS-CoV-2 variant compared to naïve individuals ^{18,19}	Reduced risk of reinfection with BA.1 following infection with BA.2 ²⁰	Reduced risk of reinfection with BA.2 following infection with BA.1 ²⁰	No specific data available	No specific data available
Impact on antibody responses	Reduction in neutralizing activity reported as compared to other VOCs ²¹⁻²³	Lower neutralising antibody titers compared to the index virus ²²	Lower neutralising antibody titers compared to the index virus ²²	Lower neutralising antibody titres (7.6-fold) compared to BA.1 ²⁴⁻²⁶	Lower neutralising antibody titres (7.5-fold) compared to BA.1 ^{24,26}
Impacts on diagnostics	PCR assays that include multiple gene targets maintain their accuracy to detect Omicron ²⁷ ; S gene target failure/positivity (SGTF) may be a proxy for screening. Limited to no impact on sensitivity of Ag-RDTs observed ²⁸⁻³¹	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 ³² . Conserved neutralizing activity for three broadly neutralizing monoclonal antibodies (sotrovimab, S2X259 and S2H97) and a reduced effectiveness of other monoclonal antibodies ³³⁻³⁶	Reduced efficacy of casirivimab-imdevimab against BA.1 ³⁷	Reduced neutralising activity of sotrovimab ³⁷ , casirivimab and imdevimab against BA.2 ³⁸	Reduced neutralising activity of casirivimab and imdevimab ³⁸	Reduced neutralising activity of 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				

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



ทดสอบ NT activity ของ serum ที่ได้จากคนที่เคยติดเชื้อ BA.1 กับเชื้อ BA.4 และ BA.5

พบว่า NT activity ลดลง ประมาณ 7 เท่าในคนที่ไม่เคยได้รับวัคซีนและ ลดลงประมาณ 3 เท่าในคนที่เป็ vaccine breakthrough infection



Alex Sigal
@sigallab

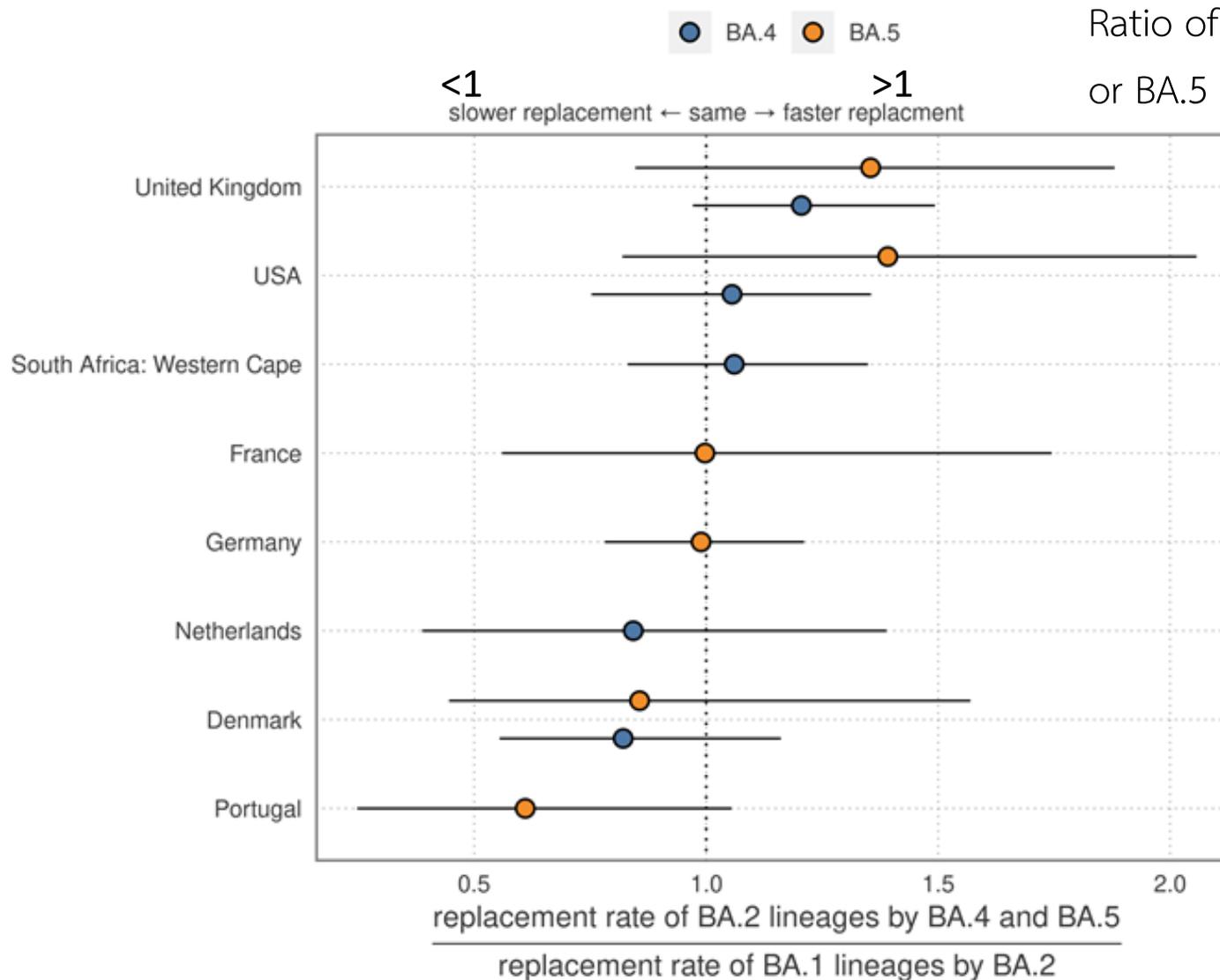
Follow

Alex Sigal is faculty @AHRI_news and Research Group Leader at @mpiib_berlin. His lab is in Durban where he spends all his time.

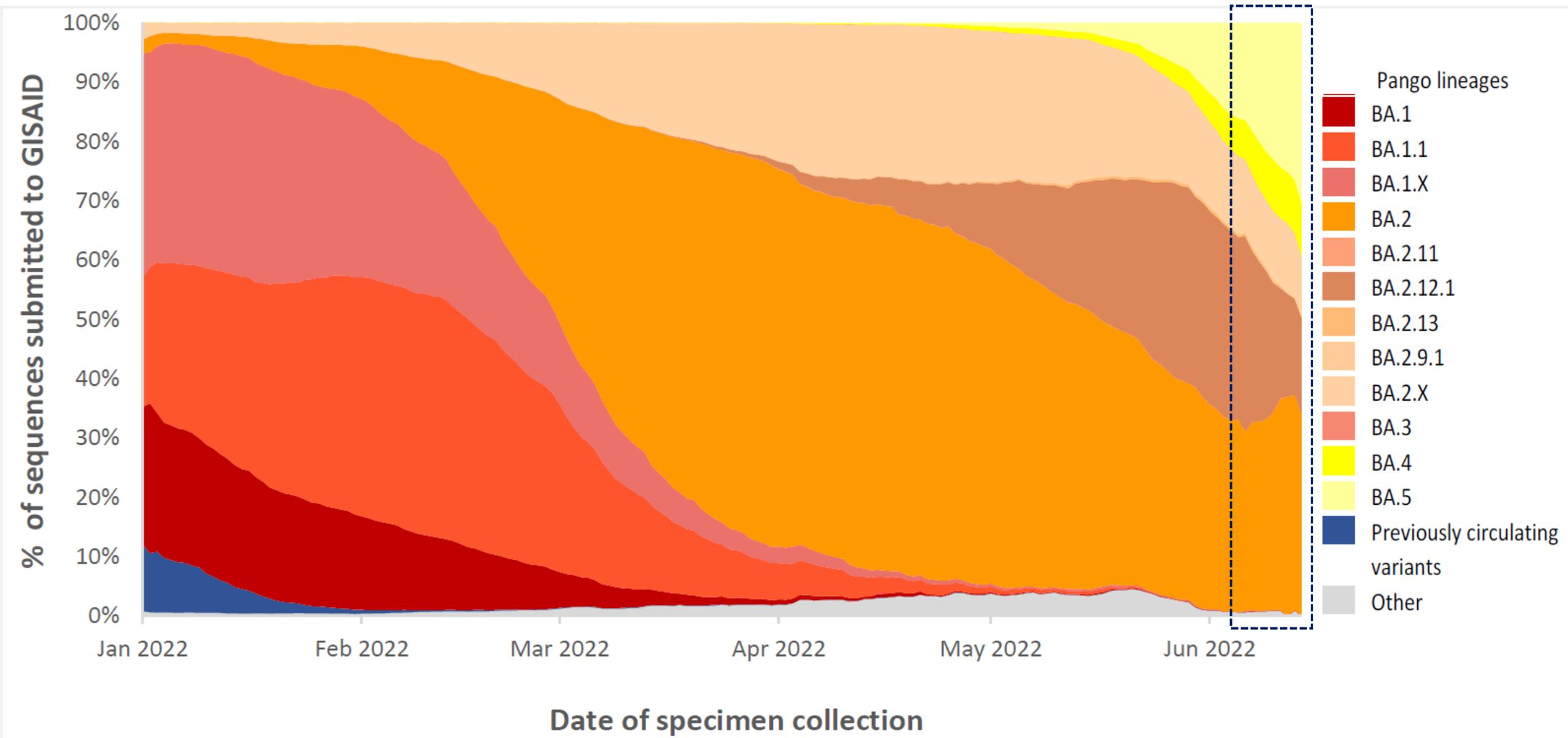
Logistic growth model to sequenced cases from GISAID



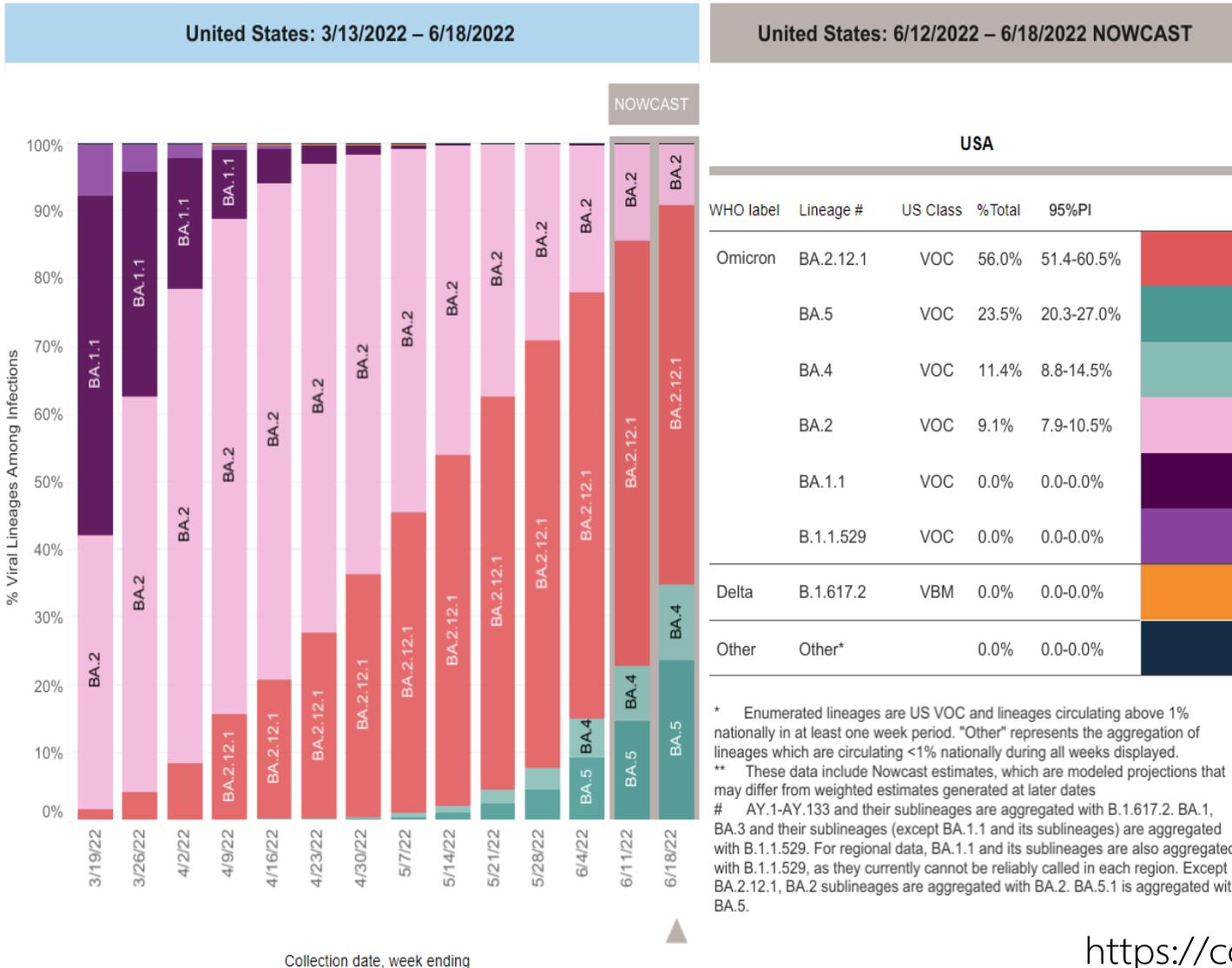
UK Health
Security
Agency



The number and percentage of SARS-CoV-2 sequences, as of 20 June 2022

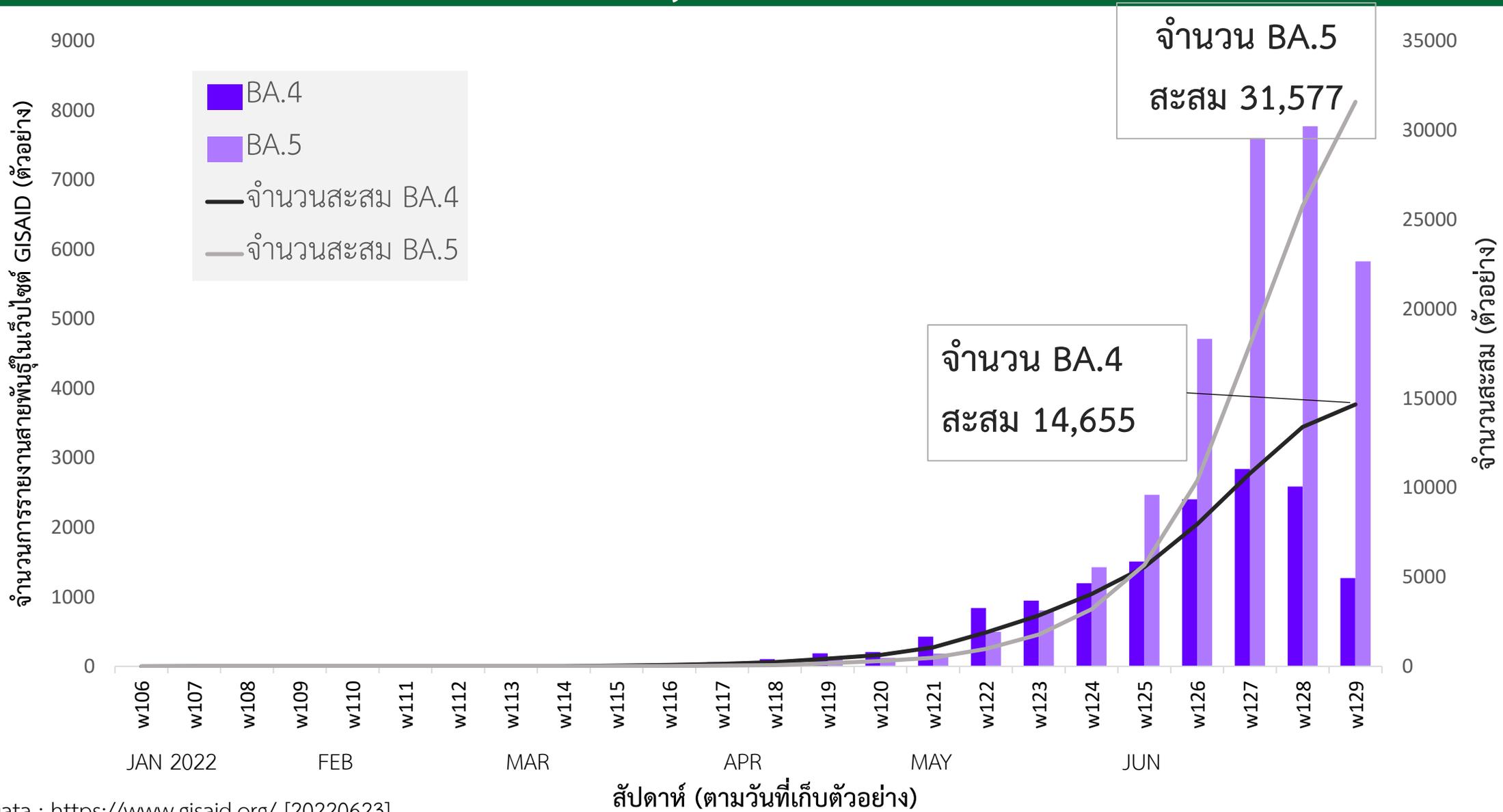


BA.4 and BA.5 in United States



- เริ่มพบ Trend ช่วงต้นเดือนพฤษภาคม
- กลางเดือนพฤษภาคม 2565 พบ BA.4 และ BA.5 คิดเป็น 2.2% ของจำนวนตัวอย่างบวกที่นำมาตรวจสายพันธุ์
- สัปดาห์ที่ 2 ของเดือนมิถุนายน 2565 พบ BA.4 และ BA.5 เพิ่มขึ้นเป็น 33.9%
- ทั้ง BA.4 และ BA.5 มีแนวโน้มเพิ่มขึ้นแทน BA.2.12.1 โดยพบการเพิ่มขึ้นของสัดส่วน BA.5 มากกว่า BA.4

Prevalence of Pangolin lineages in the World with BA.4 and BA.5 (Omicron) sequence data from 5 January 2022 to 17 June 2022





กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Sciences

เทคนิคการตรวจสายพันธุ์

Method	Detection	Variants	Laboratory	TAT
Real-time RT-PCR	ตำแหน่งกลายพันธุ์จำเพาะบน S gene	VOCs: Alpha Beta Gamma Delta Omicron	ศูนย์วิทยาศาสตร์การแพทย์ 15 แห่ง สถาบันวิจัยวิทยาศาสตร์สาธารณสุข กองการแพทย์จีโนมิกส์และสนับสนุนนวัตกรรม	1-2 days
Whole genome sequencing	ถอดรหัสพันธุกรรมทั้งจีโนม	All lineages and sub-lineages	สถาบันวิจัยวิทยาศาสตร์สาธารณสุข กองการแพทย์จีโนมิกส์และสนับสนุนนวัตกรรม มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์	1 week



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Sciences

SARS-COV-2 SNPs genotyping by Real-time RT-PCR

SNPs genotyping	del69/70	K417N	E484K	L452R	G339D	L452Q
B.1.1.7 (Alpha)	+	ND	ND	ND	ND	ND
Alpha Plus (Mu-E484K)	+	-	+	-	ND	ND
B.1.617.2 (Delta)	-	-	-	+	ND	ND
AY.1 (Delta Plus)	-	+	-	+	ND	ND
B.1.351.2 (Beta)	-	+	+	-	ND	ND
B.1.1.529 (Omicron)	+/-	+	-	ND	+	ND
BA.1	+	ND	ND	-	+	ND
BA.2	-	ND	ND	-	+	ND
BA.2.12.1	-	ND	ND	-	+	+
BA.4 / BA.5	+	ND	ND	+	+	ND

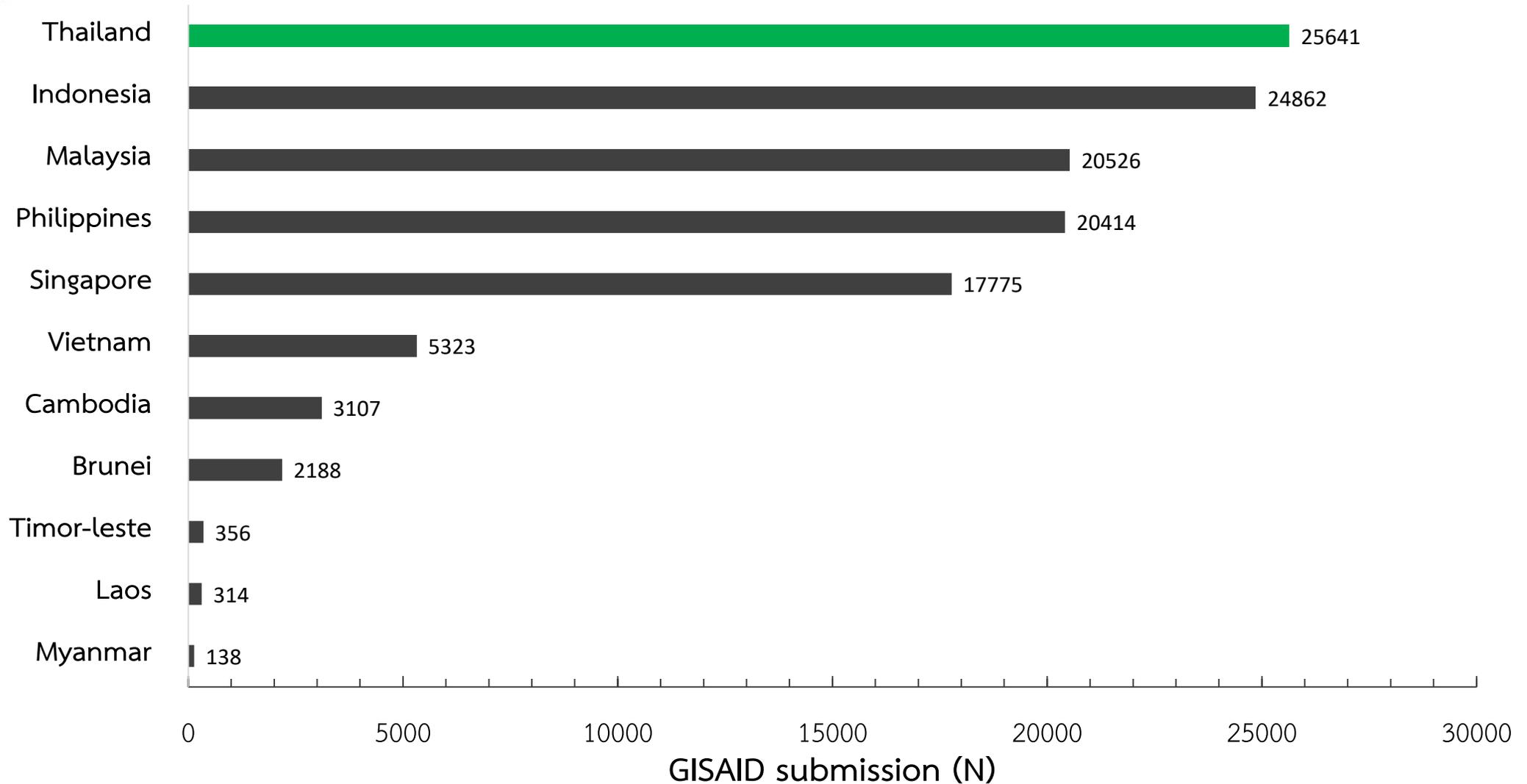


WGS

GISAID submission (Southeast Asia)



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Sciences



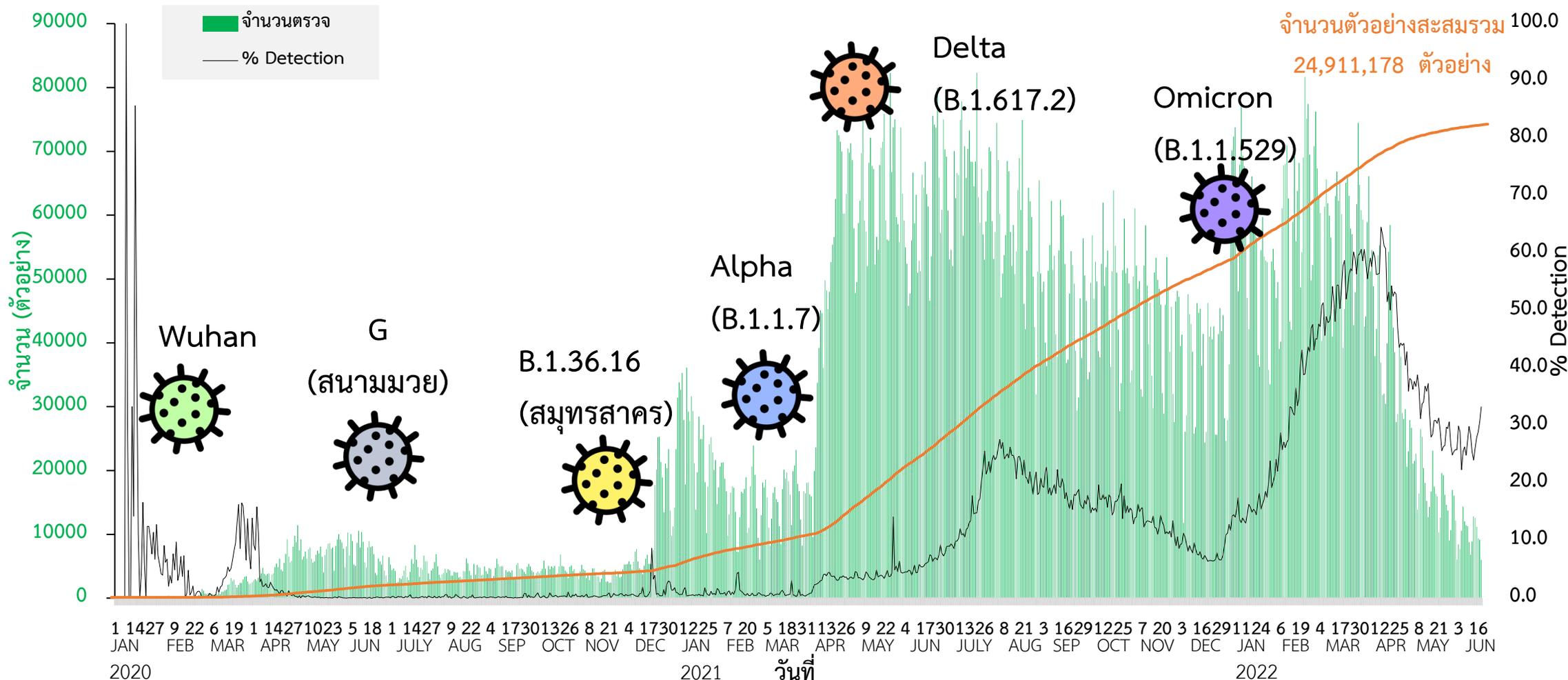
Data : <https://www.gisaid.org/> [20220617]



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Sciences

จำนวนการตรวจ COVID-19 และอัตราการตรวจพบ

มกราคม 2563 ถึง 18 มิถุนายน 2565





กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Sciences

The frequency distribution of SARS-COV-2 Variants in Thailand

01/04/2021 – 22/06/2022

Health area	Random selection for screening by real-time PCR														
	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 APR - 22 JUN 22			5 Feb - 17 JUN 22	18-22 JUN 22	Total	5 Feb - 17 JUN 22	18-22 JUN 22	Total	14 MAY – 17 JUN 22	18-22 JUN 22	Total	1 NOV 21- 17 JUN 22	18-22 JUN 22	Total
เขต 1	571	2438	0	417	0	417	1031	0	1031	0	0	0	715	0	715
เขต 2	600	1109	0	161	0	161	519	0	519	0	0	0	401	0	401
เขต 3	797	1028	0	64	0	64	166	0	166	0	0	0	116	0	116
เขต 4	644	1639	0	179	0	179	663	9	672	0	0	0	475	0	475
เขต 5	198	887	0	186	0	186	477	0	477	0	0	0	445	0	445
เขต 6	1942	7030	3	782	0	782	2156	0	2156	0	1	1	2658	0	2658
เขต 7	727	1771	0	637	0	637	1162	10	1172	0	1	1	1904	0	1904
เขต 8	586	2902	5	168	0	168	470	0	470	0	0	0	1310	0	1310
เขต 9	158	418	0	57	0	57	300	0	300	0	0	0	328	0	328
เขต 10	80	265	0	66	0	66	273	0	273	0	0	0	106	0	106
เขต 11	403	942	52	646	0	646	1267	0	1267	0	0	0	2413	0	2413
เขต 12	2943	4725	630	211	0	211	936	0	936	0	0	0	944	0	944
เขต 13 (กทม.)	4960	13649	4	1676	2	1678	7793	194	7987	33	179	212	6541	0	6541
รวม	14,609 (15.38%)	38,803 (40.86%)	694 (0.73%)	5,250	2 (0.51%)	5,252 (12.73%)	17,213	213 (53.79%)	17,426 (42.25%)	33	181 (45.71%)	214 (0.52%)	18,356	0 (0.00%)	18,356 (44.50%)



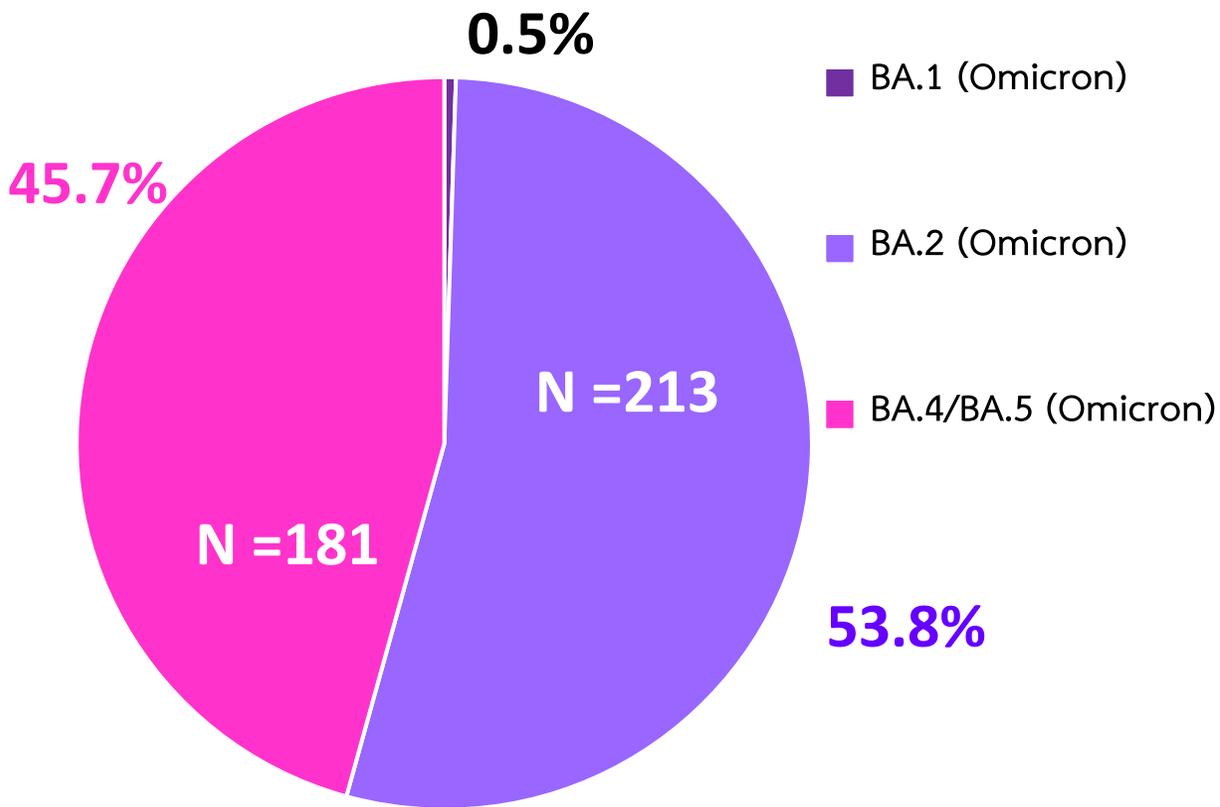
กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Sciences

สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย Omicron จาก SNP/Deletion : ระหว่างวันที่ 18-22 มิ.ย. 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	18	48	66
กลุ่มอื่นๆ ภายในประเทศ	0	2	195	133	330
รวมทั้งหมด	0	2	213	181	396

หมายเหตุ : กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์เฝ้าระวังตรวจกลายพันธุ์หลังเปิดประเทศตั้งแต่วันที่ 1 พ.ย. 64 -22 มิ.ย. 2565

สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย Omicron จาก SNP/Deletion : ระหว่างวันที่ 18-22 มิ.ย. 65

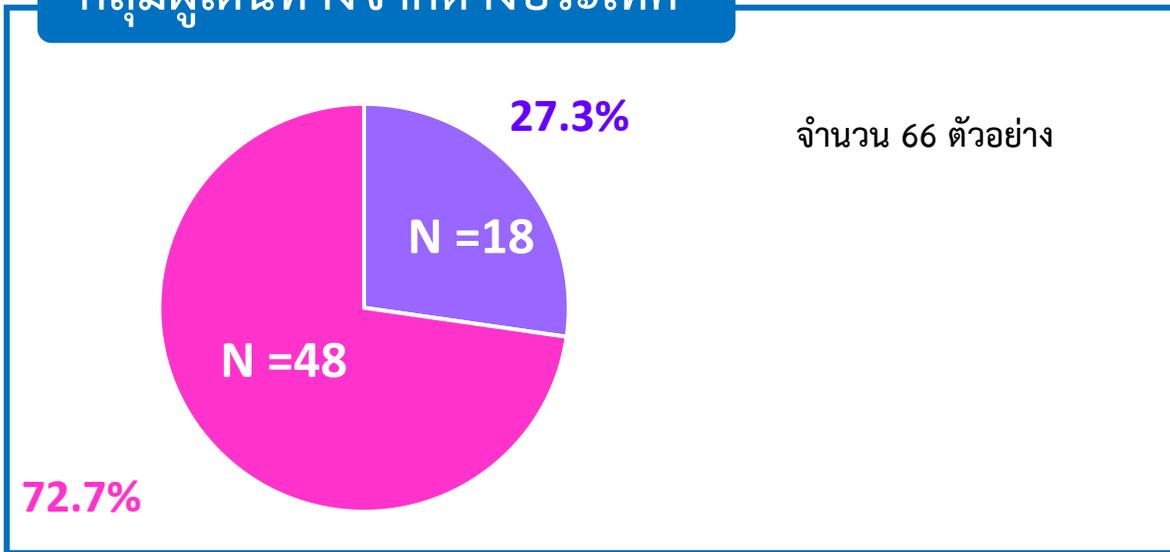


ตัวอย่าง Potentially Omicron ที่แยกสายพันธุ์ย่อยได้ จำนวน 396 ตัวอย่าง

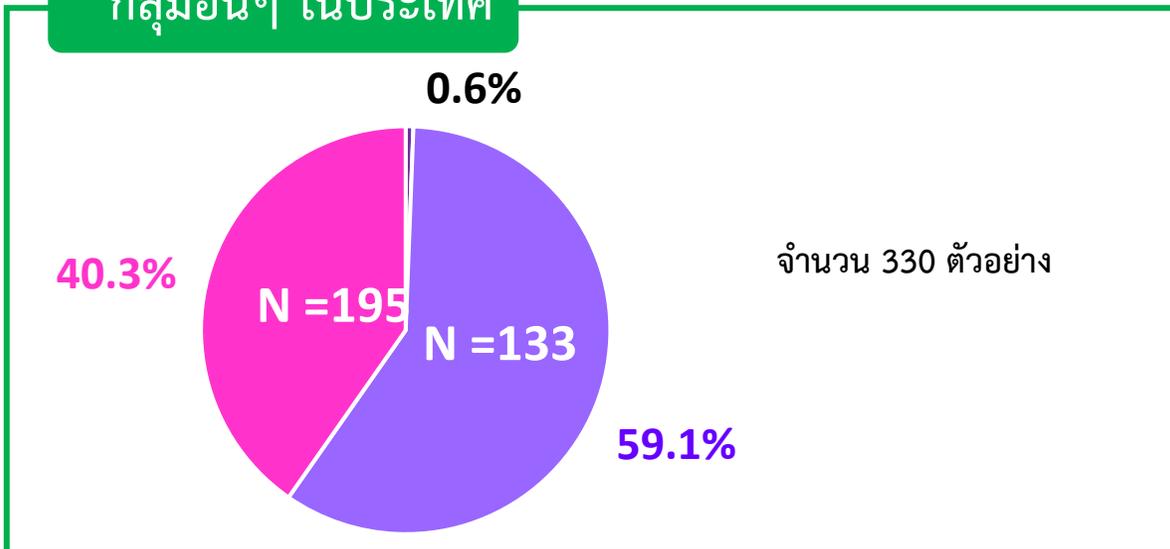
หมายเหตุ : กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์เฝ้าระวังตรวจกลายพันธุ์หลังเปิดประเทศตั้งแต่วันที่ 1 พ.ย. 64 - 22 มิ.ย. 2565

ข้อมูล 22 มิ.ย. 2565 เวลา 18.00.น.

กลุ่มผู้เดินทางจากต่างประเทศ

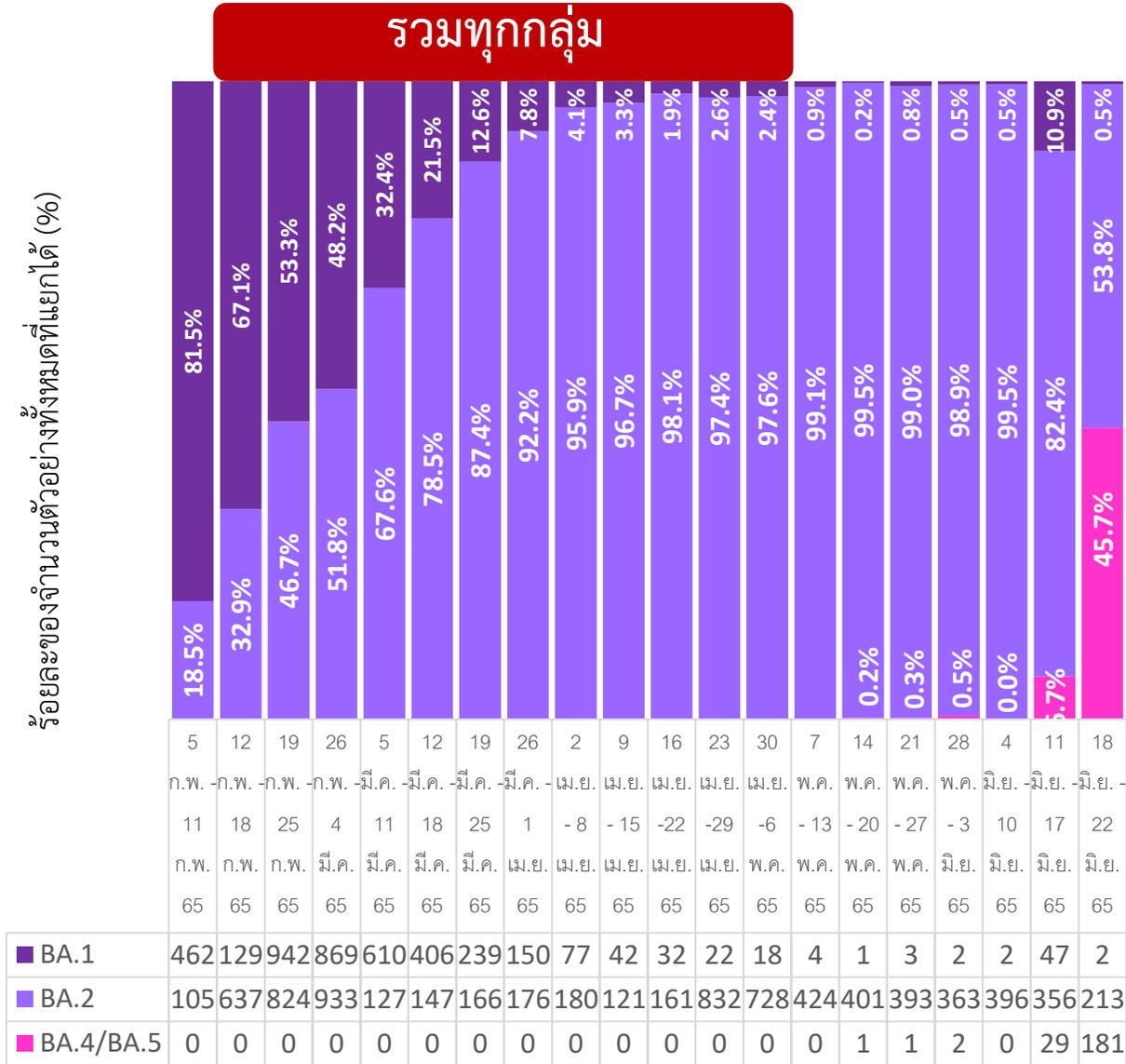


กลุ่มอื่นๆ ในประเทศ



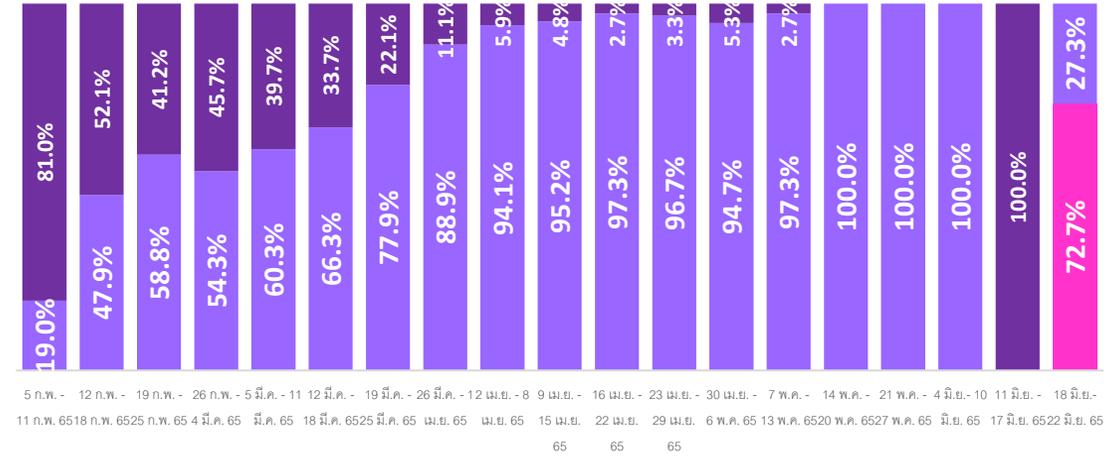
สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย Omicron จาก SNP/Deletion : ตั้งแต่ กุมภาพันธ์ 2565

ร้อยละของจำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่แยกได้ (%)



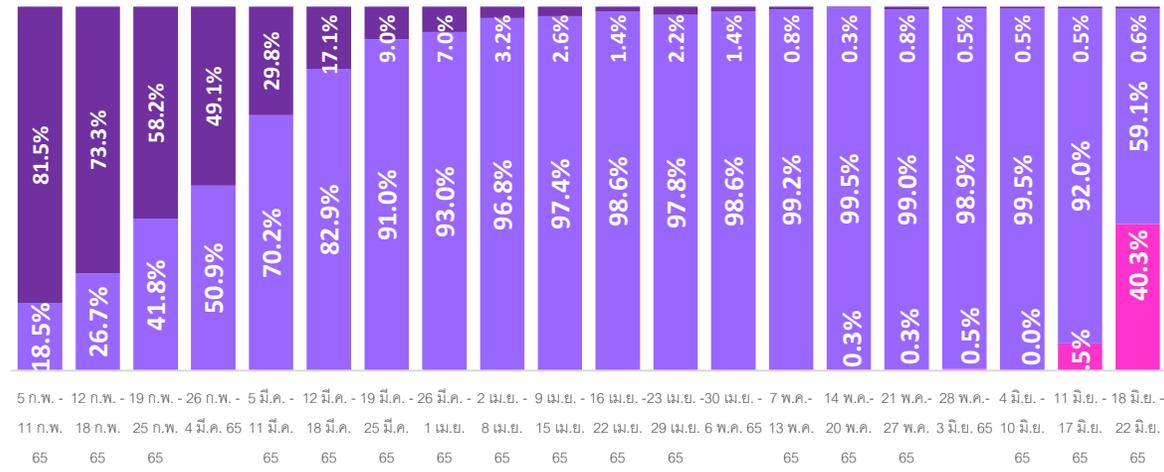
ข้อมูล ณ 22 มิ.ย. 2565 เวลา 18.00.น.

กลุ่มผู้เดินทางจากต่างประเทศ



ร้อยละของจำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่แยกได้ (%)

กลุ่มอื่นๆ ในประเทศ



ร้อยละของจำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่แยกได้ (%)



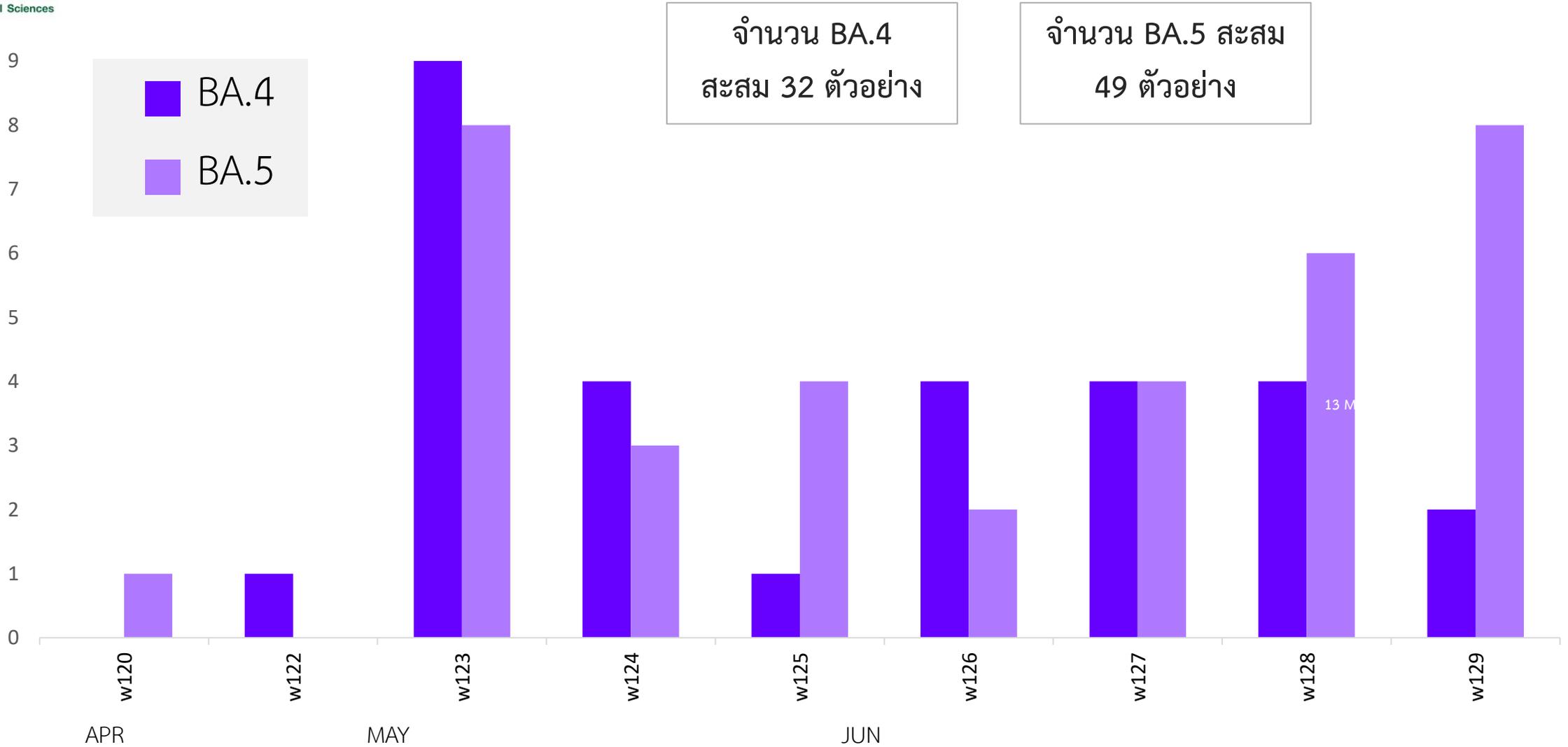
WGS

Prevalence of Pangolin lineages in Thailand with BA.4 and BA.5 (Omicron) sequence data from 12 April 2022 to 24 June 2022



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Sciences

จำนวนการรายงานสายพันธุ์ในเว็บไซต์ GISAID (ตัวอย่าง)



จำนวน BA.4
สะสม 32 ตัวอย่าง

จำนวน BA.5 สะสม
49 ตัวอย่าง

■ BA.4
■ BA.5

สัปดาห์ (ตามวันที่เก็บตัวอย่าง)

Data : <https://www.gisaid.org/> [20220623]



สรุป

1. สายพันธุ์ Omicron เป็นสายพันธุ์หลักของการระบาดทั่วโลกและประเทศไทย ซึ่ง WHO จัดให้ BA.4 และ BA.5 เป็น VOC-LUM
2. ในหลายประเทศพบการเพิ่มจำนวน (growth rate) ของ BA.5 เพิ่มขึ้น ส่วน BA.4 และ BA.2.12.1 มีแนวโน้มลดลง
3. จากระบบการเฝ้าระวังสายพันธุ์ของกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ พบว่ามีสัดส่วนของ BA.4/BA.5 เพิ่มขึ้น ยังพบในผู้เดินทางมาจากต่างประเทศมากกว่าในประเทศ
4. BA.4 และ BA.5 มีการกลายพันธุ์ในตำแหน่ง L452R คล้ายสายพันธุ์ Delta จากข้อมูลจนถึงปัจจุบัน พบว่าความสามารถในการแพร่เชื้อเพิ่มขึ้น และหลบภูมิคุ้มกันได้มากขึ้น แต่ยังไม่มีความเพียงพอสำหรับความรุนแรง
5. การมารับวัคซีนเข็มกระตุ้นเพื่อให้มีภูมิคุ้มกันสูงมากพอยังมีความจำเป็น รวมถึงมาตรการการป้องกันตนเองที่เหมาะสม