



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Sciences

ข้อมูลการจำแนกตามสายพันธุ์ที่เฝ้าระวัง และการกลายพันธุ์ของเชื้อ

โดย นายแพทย์ศุภกิจ ศิริลักษณ์
อธิบดีกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์

23 มีนาคม 2565





การจำแนกสายพันธุ์ที่เฝ้าระวัง

จำนวนผู้ติดเชื้อที่พบจำแนกตามสายพันธุ์สำคัญ (ราย)

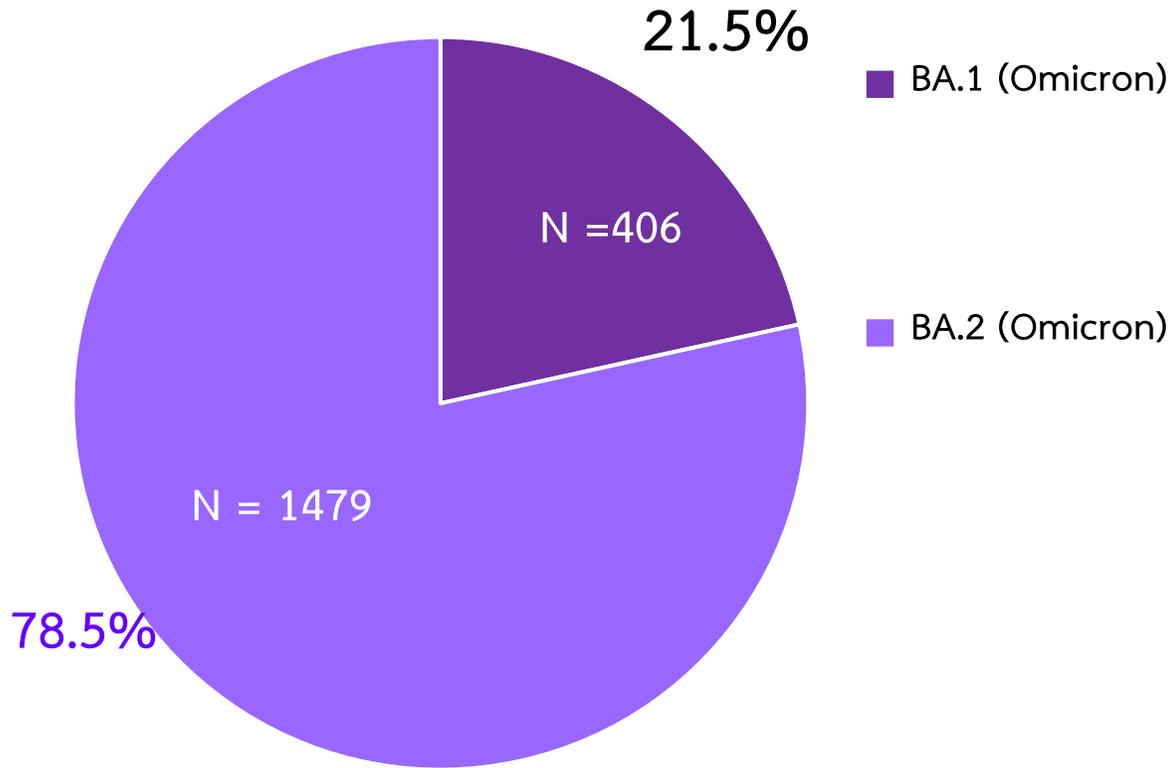
เขต สุขภาพ	จำนวนผู้ติดเชื้อที่พบจำแนกตามสายพันธุ์สำคัญ (ราย)											
	B.1.1.7 (Alpha)			B.1.617.2 (Delta)			B.1.351 (Beta)			B.1.1.529 (Omicron)		
	1 พ.ย. 64 ถึง 11 มี.ค. 65	12 มี.ค. ถึง 18 มี.ค. 65	รวม	1 พ.ย. 64 ถึง 11 มี.ค. 65	12 มี.ค. ถึง 18 มี.ค. 65	รวม	1 พ.ย. 64 ถึง 11 มี.ค. 65	12 มี.ค. ถึง 18 มี.ค. 65	รวม	1 พ.ย. 64 ถึง 11 มี.ค. 65	12 มี.ค. ถึง 18 มี.ค. 65	รวม
เขต 1	0		0	578		578	0		0	1184	96	1280
เขต 2	0		0	704		704	0		0	689	44	733
เขต 3	0		0	201		201	0		0	194	10	204
เขต 4	0		0	380		380	0		0	772	66	838
เขต 5	0		0	576		576	0		0	626	39	665
เขต 6	0		0	1522	1	1523	0		0	3830	206	4036
เขต 7	0		0	537		537	0		0	2811	145	2956
เขต 8	0		0	1548		1548	0		0	1486	42	1528
เขต 9	0		0	178		178	0		0	403	4	407
เขต 10	0		0	81		81	0		0	201	29	230
เขต 11	2		2	496		496	1		1	2946	202	3148
เขต 12	13		13	3630		3630	2		2	1260	175	1435
เขต 13	0		0	1012		1012	1		1	9759	923	10682
รวม	15	0	15	11,443	1	11,444	4	0	4	26,161	1,981	28,142
		0.00%	0.04%		0.05%	28.90%		0.00%	0.01%		99.95%	71.06%

หมายเหตุ : กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์เฝ้าระวังตรวจกลายพันธุ์หลังเปิดประเทศตั้งแต่วันที่ 1 พ.ย. 64 - 18 มี.ค. 2565

สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย Omicron จาก SNP/Deletion : ระหว่างวันที่ 12-18 มี.ค. 65

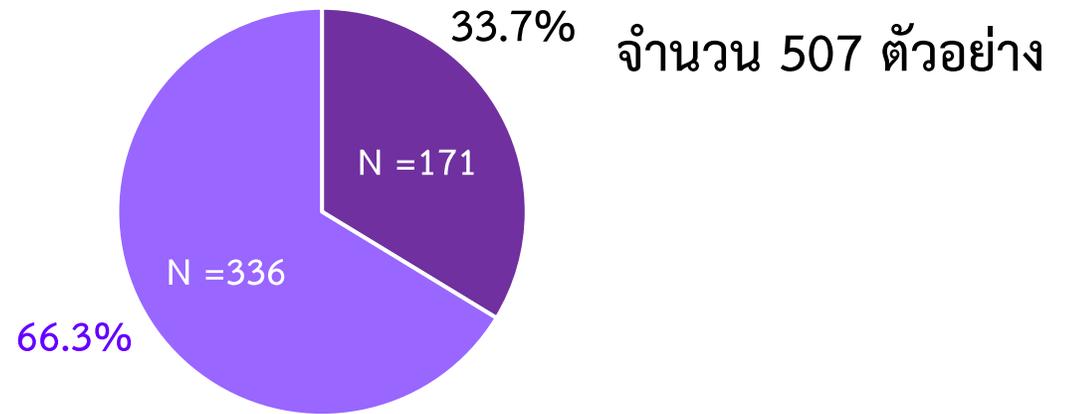
วัตถุประสงค์การตรวจ	Omicron lineage			
	SNP/Deletion (Potentially)			
	B.1.1.529	BA.1	BA.2	Total
กลุ่มผู้เดินทางเข้าราชอาณาจักร (SQ, AQ ,Sandbox, Test and Go)	12	171	336	519
กลุ่มอื่นๆ ภายในประเทศ	84	235	1143	1462
รวมทั้งหมด	96	406	1479	1981

สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย Omicron จาก SNP/Deletion : ระหว่างวันที่ 12-18 มี.ค. 65

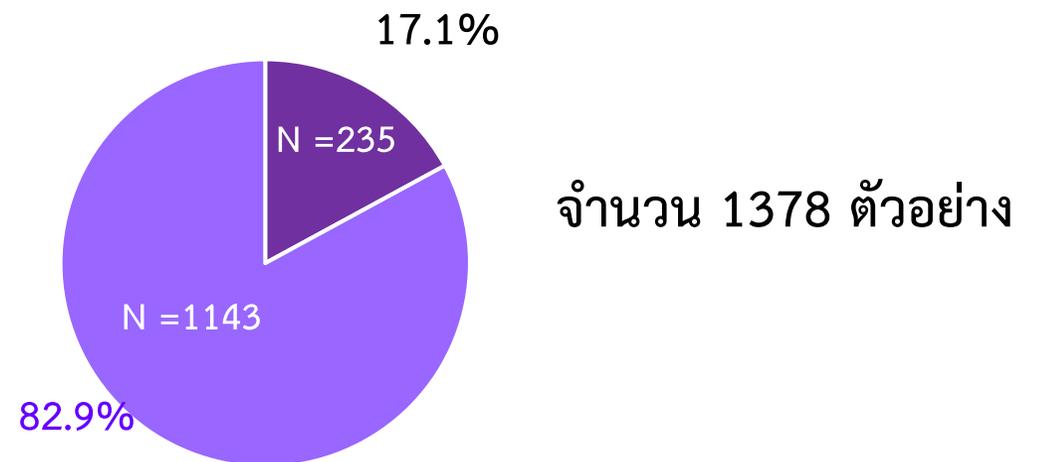


ตัวอย่าง Potentially Omicron ที่แยกสายพันธุ์ย่อยได้ จำนวน 1885 ตัวอย่าง

กลุ่มผู้เดินทางจากต่างประเทศ



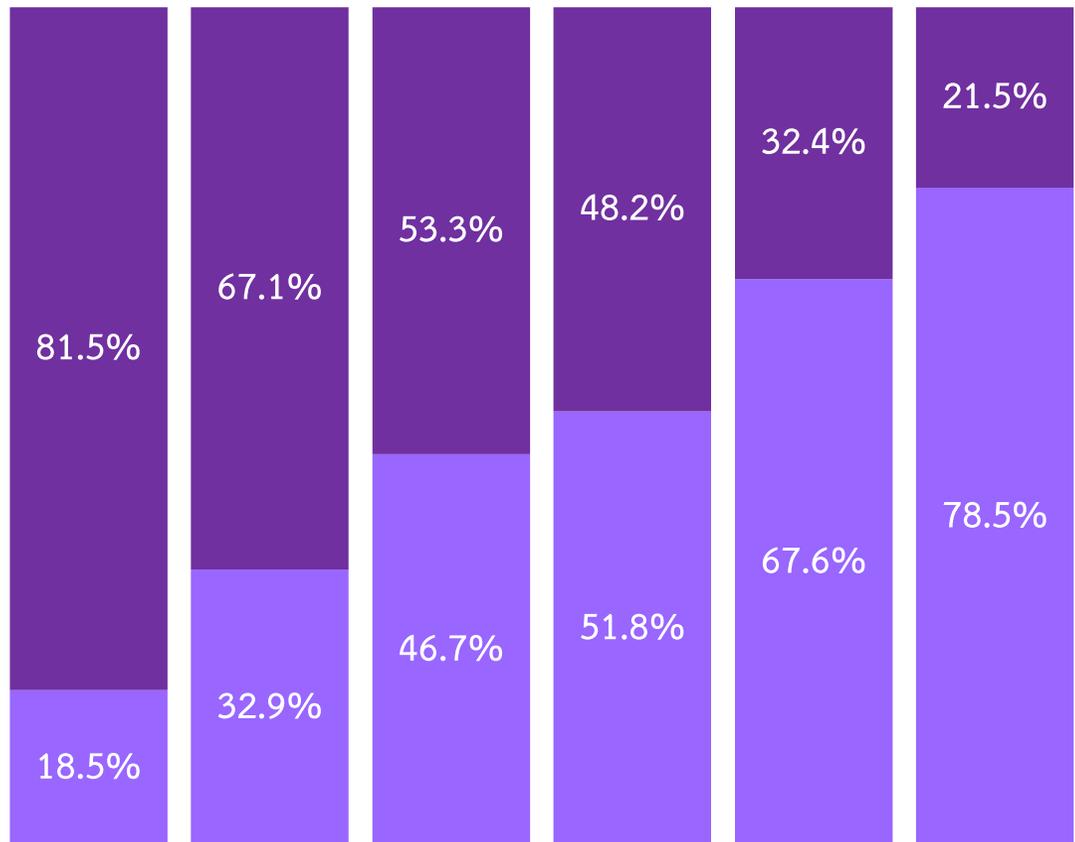
กลุ่มอื่นๆ ในประเทศ



สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย Omicron จาก SNP/Deletion : ระหว่างวันที่ 5 - 18 มี.ค. 65

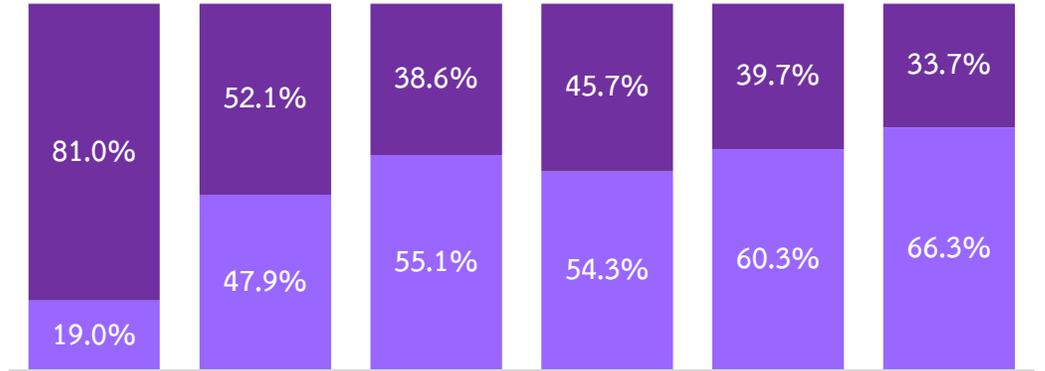
รวมทุกกลุ่ม

ร้อยละของจำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่แยกได้ (%)



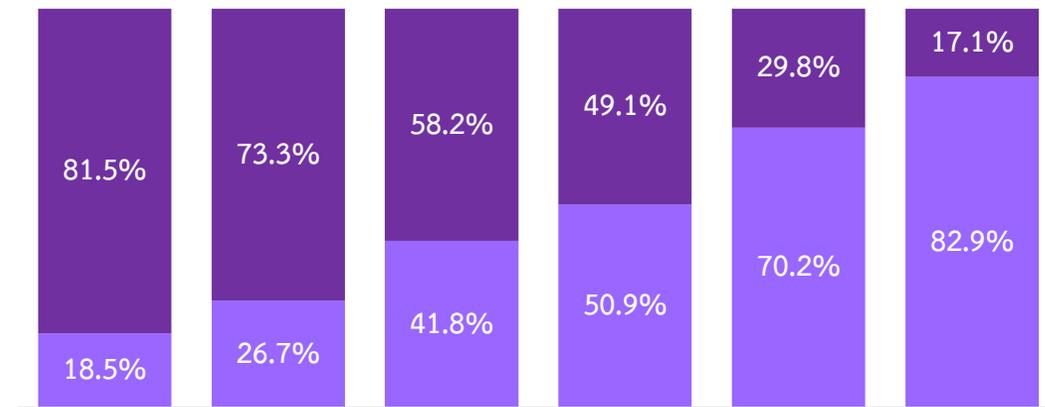
ร้อยละของจำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่แยกได้ (%)

กลุ่มผู้เดินทางจากต่างประเทศ



5 ก.พ. - 11 ก.พ. 65 12 ก.พ. - 18 ก.พ. 65 19 ก.พ. - 25 ก.พ. 65 26 ก.พ. - 4 มี.ค. 65 5 มี.ค. - 11 มี.ค. 65 12 มี.ค. - 18 มี.ค. 65

กลุ่มอื่นๆ ในประเทศ



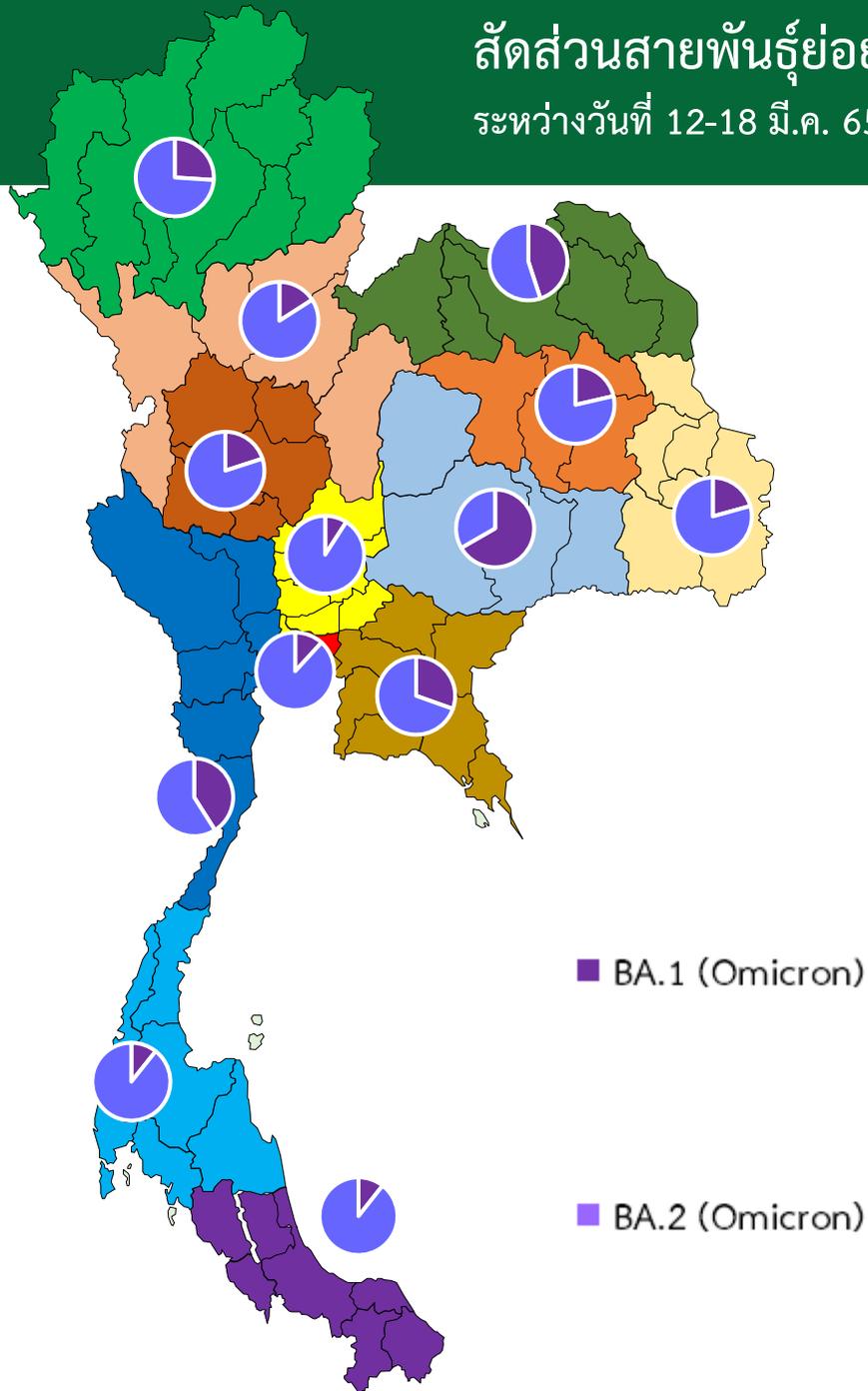
ร้อยละของจำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่แยกได้ (%)

5 ก.พ. - 11 ก.พ. 65 12 ก.พ. - 18 ก.พ. 65 19 ก.พ. - 25 ก.พ. 65 26 ก.พ. - 4 มี.ค. 65 5 มี.ค. - 11 มี.ค. 65 12 มี.ค. - 18 มี.ค. 65

	5 ก.พ. - 11 ก.พ.	12 ก.พ. - 18 ก.พ.	19 ก.พ. - 25 ก.พ.	26 ก.พ. - 4 มี.ค.	5 มี.ค. - 11 มี.ค.	12 มี.ค. - 18 มี.ค.
65	65	65	65	65	65	65
BA.1	462	1299	942	869	610	406
BA.2	105	637	824	933	1272	1479

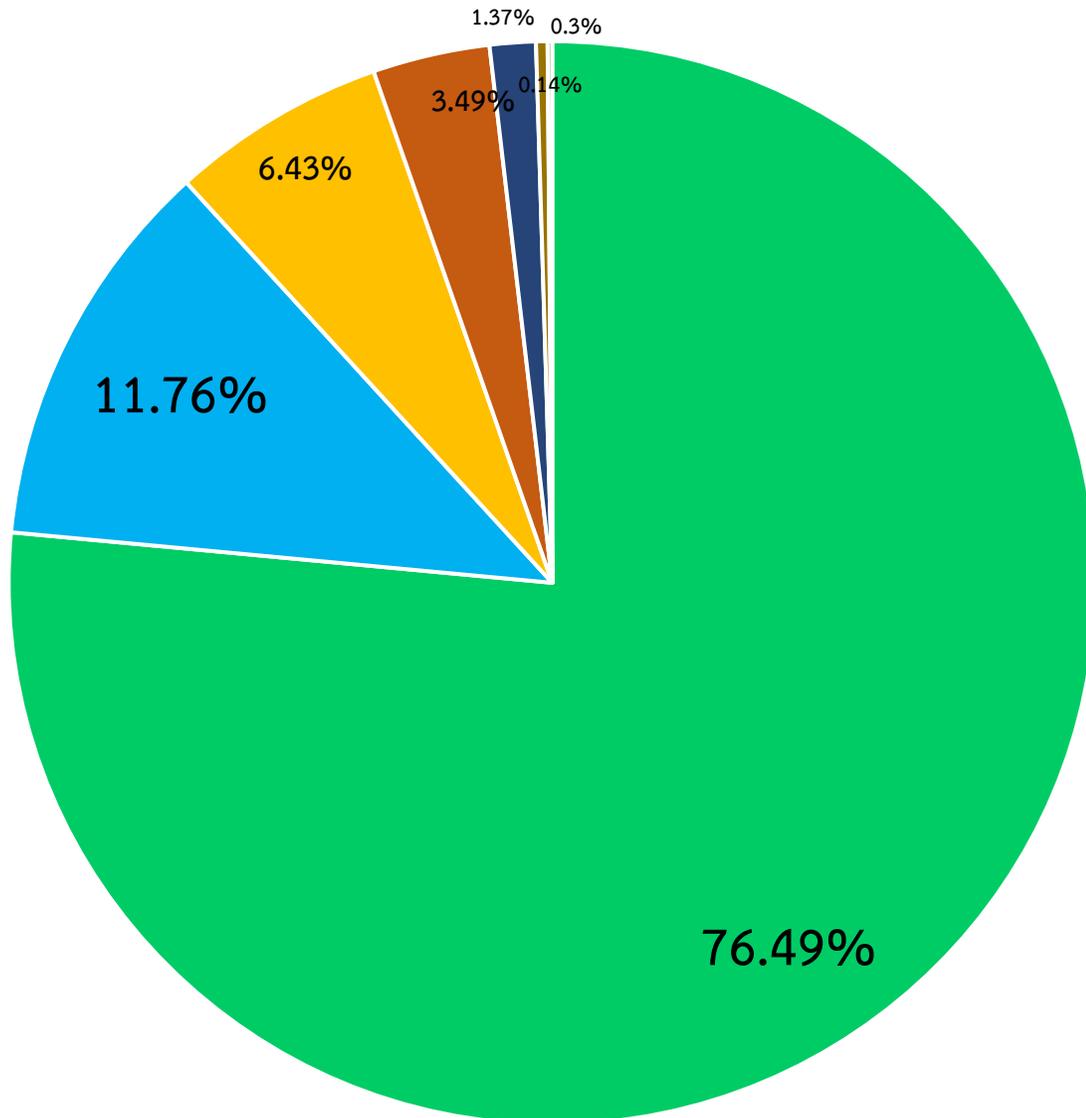
สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย BA.1 และ BA.2 แยกตามเขตสุขภาพ : กลุ่มภายในประเทศ

ระหว่างวันที่ 12-18 มี.ค. 65



เขตสุขภาพ	สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย BA.1	สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย BA.2
1	26.04%	73.96%
2	15.91%	84.09%
3	20.00%	80.00%
4	9.09%	90.91%
5	41.03%	58.97%
6	22.01%	77.99%
7	21.38%	78.62%
8	45.00%	55.00%
9	66.67%	33.33%
10	20.69%	79.31%
11	10.71%	89.29%
12	10.61%	89.39%
13	11.79%	88.21%

สัดส่วนของกลุ่มตัวอย่างที่สุ่มตรวจสายพันธุ์ และแยกสายพันธุ์ย่อย Omicron ได้ :ระหว่างวันที่ 12-18 มี.ค. 65



- ผู้ติดเชื้อรายใหม่เพื่อสำรวจภาพรวมประเทศ (National prevalence)
- กลุ่มเดินทางมาจากต่างประเทศ (SQ, ASQ, LQ, Sandbox) รวมถึงต่างด้าวลักลอบเข้าเมือง
- กลุ่มที่อาการรุนแรง และ/หรือ เสียชีวิต ทุกสาย
- กลุ่มบุคลากรทางการแพทย์
- ลักษณะอื่นๆ ที่สงสัยไวรัสสายพันธุ์ใหม่ เช่น ค่า Ct ต่ำกว่าปกติ
- คลัสเตอร์ใหม่ (คือมีจำนวนผู้ติดเชื้อมากกว่า 50 คนในคลัสเตอร์)
- กลุ่มผู้ที่ได้รับวัคซีนครบตามเกณฑ์ (fully vaccinated)

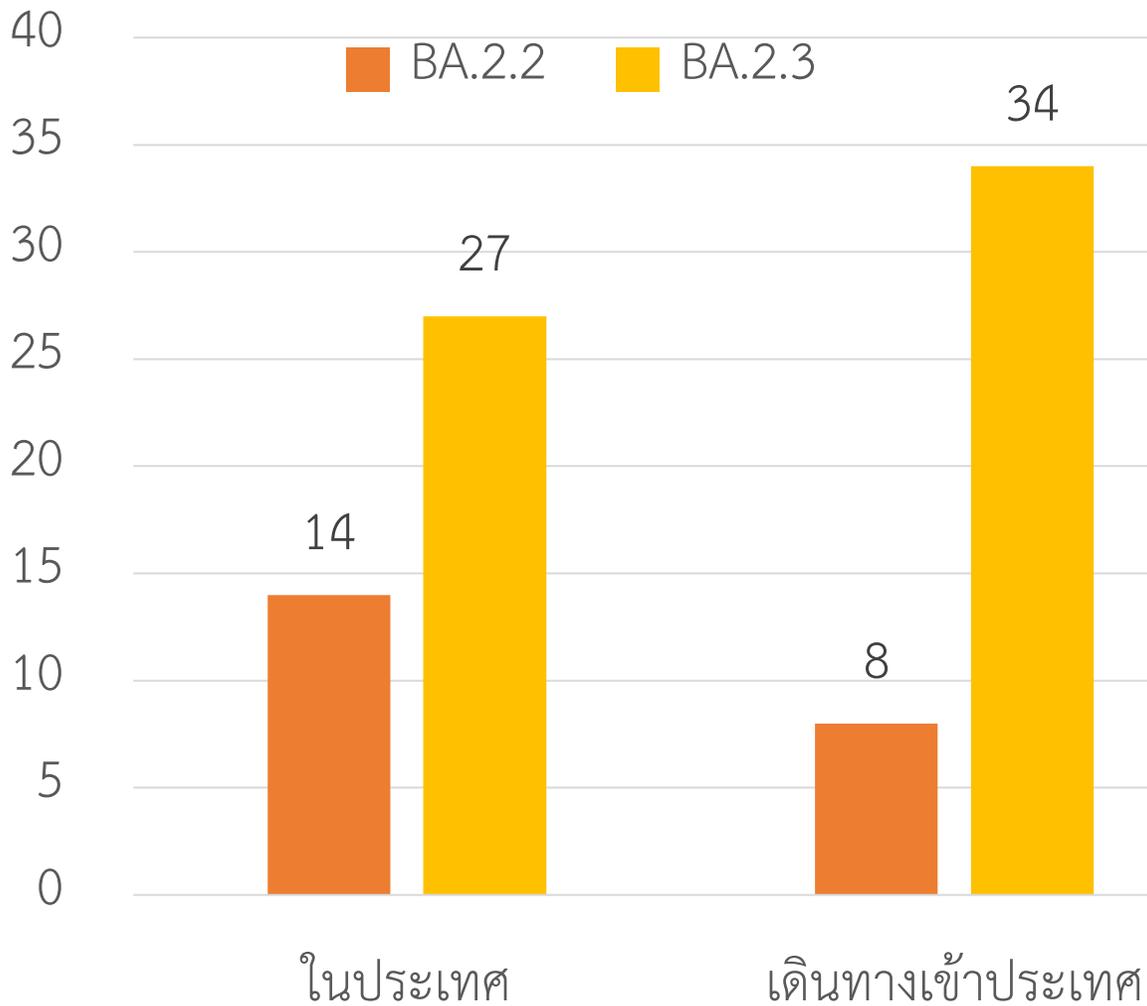
N = 1463



สัดส่วนของกลุ่มตัวอย่างภายในประเทศที่สุ่มตรวจสายพันธุ์ และแยกสายพันธุ์ย่อย Omicron ได้ ระหว่างวันที่ 12-18 มี.ค. 65

กลุ่มตัวอย่าง	จำนวน ตัวอย่าง	สัดส่วนตัวอย่าง สายพันธุ์ BA.2
ผู้ติดเชื้อรายใหม่เพื่อสำรวจภาพรวมประเทศ (National prevalence)	1119	85.43%
กลุ่มบุคลากรทางการแพทย์	51	84.31%
ลักษณะอื่นๆ ที่สงสัยไวรัสสายพันธุ์ใหม่ เช่น ค่า Ct ต่ำกว่าปกติ	20	75.00%
กลุ่มที่อาการรุนแรง และ/หรือ เสียชีวิต ทุกราย	94	60.64%

BA.2.2 และ BA.2.3 ในประเทศไทย (จำแนกด้วยระบบ Pangolin)



Lineage	Most common countries	Earliest date	# designated	# assigned	Description	WHO Name	
BA.2	United Kingdom 43.0%, Denmark 27.0%, Germany 6.0%, India 6.0%, Sweden 3.0%	2021-11-09	14	364104	Alias of B.1.1.529.2, from pangoln designation issue #361	Omicron	
BA.2.1			532	0	Alias of B.1.1.529.2.1, UK lineage		
BA.2.2			68	0	Alias of B.1.1.529.2.2, Hong Kong lineage		
BA.2.3				1938	0	Alias of B.1.1.529.2.3, lineage in Philippines and other countries	

- ยังไม่มีข้อมูลเพียงพอที่จะประเมินความสามารถในการแพร่กระจาย ความรุนแรงของโรค หรือ การหลีกเลี่ยงวัคซีนของสายพันธุ์ย่อย BA.2.2, BA.2.3



BA.2 + S:I1221T ทั่วโลก (จำแนกด้วยระบบ GISAID)

กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Sciences

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

You are logged in as **Pilailuk Okada** - [logout](#)

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

EpiCoV™ | Search | Downloads | Upload

Search Reset filters

EPI_ISL ID Virus name Complete [?]

Location Host High coverage [?]

Collection to Submission to Low coverage excluded [?]

Clade Lineage **BA.1** With patient status [?]

BA.1
 BA.1.1
 BA.2
 BA.3

Substitutions [?] Variants Collection date complete [?]

Under investigation

Virus name Passage date Accession ID Collection date Submission ID Length Host Location Originating

No data found.

Omicron

B.1.1.529

Sublineages: **BA.1** • **BA.1.1** • **BA.1.2** • **BA.1.3** • **BA.1.4** • **BA.1.5** • **BA.1.6** • **BA.1.7** • **BA.1.8** • **BA.1.9** • **BA.1.10** • **BA.1.11** • **BA.1.12** • **BA.1.13** • **BA.1.13.1** • **BA.1.14** • **BA.1.15** • **BA.1.15.1** • **BA.2** • **BA.3**

VOC 26 Nov 2021

VOI 01 Dec 2021

VUM 26 Nov 2021

de-escalated 03 Dec 2021

26 Nov 2021

South Africa 2,206,727

! Classifications of Omicron lineages are in flux. ([read more](#))

WHO: Omicron
Nextstrain: 21K, 21L
GISAID: GR/484A

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

You are logged in as **Pilailuk Okada** - [logout](#)

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

EpiCoV™ | Search | Downloads | Upload

Search Reset filters

EPI_ISL ID Virus name Complete [?]

Location Host High coverage [?]

Collection to Submission to Low coverage excluded [?]

Clade Lineage **BA.2** With patient status [?]

Substitutions [?] **Spike_I1221T** Variants Collection date complete [?]

Under investigation

<input type="checkbox"/>	Virus name	Passage date	Accession ID	Collection date	Submission ID	<input type="checkbox"/>	Length	Host	Location	Originating
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Australia/QLD0x00D204/2022	Original	EPI_ISL_11207686	2022-03-16	2022-03-21	<input type="checkbox"/>	29,746	Human	Oceania / Australia	Pathology
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Australia/QLD0x00D203/2022	Original	EPI_ISL_11207685	2022-03-15	2022-03-21	<input type="checkbox"/>	29,746	Human	Oceania / Australia	Pathology
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Australia/QLD0x00D202/2022	Original	EPI_ISL_11207684	2022-03-16	2022-03-21	<input type="checkbox"/>	29,746	Human	Oceania / Australia	Pathology
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Hong Kong/VZ22018111/2022	Original	EPI_ISL_11204781	2022-03-05	2022-03-20	<input type="checkbox"/>	29,724	Human	Asia / Hong Kong	SUPPORT
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Hong Kong/VZ22018105/2022	Original	EPI_ISL_11204780	2022-03-05	2022-03-20	<input type="checkbox"/>	29,724	Human	Asia / Hong Kong	SUPPORT
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Hong Kong/VZ22018104/2022	Original	EPI_ISL_11204779	2022-03-04	2022-03-20	<input type="checkbox"/>	29,724	Human	Asia / Hong Kong	SUPPORT
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Hong Kong/VZ22018103/2022	Original	EPI_ISL_11204778	2022-03-03	2022-03-20	<input type="checkbox"/>	29,724	Human	Asia / Hong Kong	SUPPORT
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Hong Kong/VZ22018090/2022	Original	EPI_ISL_11204777	2022-03-03	2022-03-20	<input type="checkbox"/>	29,724	Human	Asia / Hong Kong	SUPPORT
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Hong Kong/VZ22018089/2022	Original	EPI_ISL_11204776	2022-03-04	2022-03-20	<input type="checkbox"/>	29,724	Human	Asia / Hong Kong	SUPPORT

Total: 1,017 viruses

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.

เดลตาครอน (BA.1 x AY.4 recombinant)



About us Database Features Events Collaborations Resources Registration Help

Tracking of Variants

GKA (AY.4/BA.1) first detected in France
 As of 22 March 2022 - 0852UTC, 5 countries shared 64 GKA genome sequences with unprecedented speed from sample collection to

Map of tracked variant occurrence

Circle size proportional to number of variant genomes, zoom into region for more detail. Color by recency with red being most recent.



Most recent submission per country

Country	Virus Name	Submitted
France	hCoV-19/France/HDF-biopath-7747832082/2022	2022-03-21
Belgium	hCoV-19/Belgium/UMONS-J770541801/2022	2022-03-14
Germany	hCoV-19/Germany/NW-RKI-I-592489/2022	2022-03-11
Denmark	hCoV-19/Denmark/DCGC-408976/2022	2022-03-08
Netherlands	hCoV-19/Netherlands/NH-inBiome-210856/2022	2022-02-14

Country Submission Count

Country	Total #GKA (AY.4/BA.1) first detected in France	#GKA (AY.4/BA.1) first detected in France in past 4 weeks	%GKA (AY.4/BA.1) first detected in France in past 4 weeks
France	53	17	0.4%
Denmark	8	1	0.0%
Germany	1	0	0.0%
Netherlands	1	0	0.0%
Belgium	1	1	0.0%

- องค์การอนามัยโลกเปิดเผย เชื้อไวรัส SARS-CoV-2 ลูกผสมระหว่างสายพันธุ์โอมิครอนและเดลต้า (BA.1 x AY.4 recombinant) หรือ “เดลตาครอน”
 - ส่วนโปรตีนหนามสไปค์จากโอมิครอน (BA.1)
 - ส่วนโปรตีนด้านหน้าซึ่งไวรัสใช้เพิ่มจำนวน เป็นของเดลต้า (AY.4)
- เริ่มพบการแพร่ระบาดแล้วในฝรั่งเศส เดนมาร์ก เยอรมัน เบลเยียม และเนเธอร์แลนด์
- ข้อมูลจากฐานข้อมูล GISAID
 - พบเดลตาครอนแพร่ตั้งแต่ช่วงต้นปี ซึ่งเป็นช่วงที่เดลต่ายังไม่ลดลงมากและโอมิครอนกำลังเริ่มต้น
 - ความชุกของเดลตาครอนทั่วโลก จำนวน 64 viruses (ณ วันที่ 22 มี.ค 65)

Variants under monitoring (VUM) สายพันธุ์ที่ต้องติดตาม

องค์การอนามัยโลกกำหนดให้สายพันธุ์เดลตาครอน (BA.1 x AY.4 recombinant) เป็นสายพันธุ์ที่ต้องติดตาม เมื่อวันที่ 9 มีนาคม 2565

Variants under monitoring (VUMs):

Pango lineage*	GISAID clade	Nextstrain clade	Earliest documented samples	Date of designation
B.1.640	GH/490R	-	Multiple countries, Sep-2021	22-Nov-2021
BA.1 x AY.4 recombinant	-	-	France, Jan-2021	09-Mar-2022

สรุป

- 1) การระบาดของโรคโควิด 19 ในประเทศไทยเกือบทั้งหมดเป็นสายพันธุ์ โอมิครอน และเป็นสายพันธุ์ย่อย BA.2 มากกว่า BA.1 (BA.2 78.5%)
- 2) พบสายพันธุ์ย่อย BA.2.2 จำนวน 22 ราย และ BA.2.3 61 ราย จากการทำการถอดรหัสพันธุกรรมทั้งตัว (WGS) กว่า 500 ตัวอย่างทุกสัปดาห์
- 3) สายพันธุ์ผสม เดลตาครอน (BA.1+AY.4) มีรายงานแล้วทั่วโลก 64 ราย รอตรวจสอบอีกกว่า 4,000 ราย (ซึ่งเป็นส่วนที่ส่งจากประเทศไทย 73 ราย) ส่วนมากเป็นตัวอย่างในช่วงที่ยังมีการระบาดของสายพันธุ์เดลต้าอยู่มากปัจจุบันลดลงมาก WHO จัดชั้นให้เดลตาครอนเป็นเพียงสายพันธุ์ที่ต้องเฝ้าติดตาม (Variant under monitoring) ยังไม่มีข้อมูลเพียงพอเรื่องการแพร่เร็ว ความรุนแรง และการหลบภูมิ
- 4) มาตรการ UP และการเร่งฉีดวัคซีนเข็มกระตุ้นโดยเฉพาะกลุ่ม 608 ยังมีความจำเป็น

ขอบคุณครับ