



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Sciences



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
DEPARTMENT OF MEDICAL SCIENCES

ข้อมูลการจำแนกตามสายพันธุ์ที่เฝ้าระวัง และการกลายพันธุ์ของเชื้อ

โดย นายแพทย์ศุภกิจ ศิริลักษณ์
อธิบดีกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์

17 ตุลาคม 2565





การจำแนกสายพันธุ์ที่เฝ้าระวัง

จำนวนผู้ติดเชื้อที่พบจำแนกตามสายพันธุ์สำคัญด้วยวิธี real-time RT-PCR (ราย)

Health area	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 BA.2.75 (Omicron)			Potentially B.1.1.529 (Omicron)		
	30 เม.ย. 64 - 14 ต.ค. 65			5 ก.พ. - 7 ต.ค. 65	8 ต.ค. - 14 ต.ค. 65	Total	5 ก.พ. - 7 ต.ค. 65	8 ต.ค. - 14 ต.ค. 65	Total	14 พ.ค. - 7 ต.ค. 65	8 ต.ค. - 14 ต.ค. 65	Total	2 ก.ค. - 7 ต.ค. 65	8 ต.ค. - 14 ต.ค. 65	Total	1 พ.ย. 64 - 7 ต.ค. 65	8 ต.ค. - 14 ต.ค. 65	Total
	เขต 1	571	2438	0	422		422	1317		1317	531	24	555	2		2	716	
เขต 2	600	1109	0	164		164	629	1	630	134	14	148	2		2	401		401
เขต 3	797	1028	0	64		64	219		219	55	12	67	0		0	116		116
เขต 4	644	1639	0	180		180	758	1	759	266	2	268	0		0	475		475
เขต 5	198	887	0	187		187	547		547	202	2	204	0		0	445		445
เขต 6	1942	7031	3	782		782	2295		2295	520	12	532	0		0	2658		2658
เขต 7	727	1771	0	642		642	1323		1323	302	6	308	0		0	1904		1904
เขต 8	586	2902	5	173		173	578		578	191	6	197	0		0	1311		1311
เขต 9	158	418	0	60		60	377		377	151	7	158	0		0	329		329
เขต 10	80	265	0	68		68	346		346	87	1	88	0		0	106		106
เขต 11	403	942	52	646		646	1310		1310	153	5	158	0		0	2413		2413
เขต 12	2943	4725	630	211		211	967		967	200	5	205	0		0	944		944
เขต 13 (กทม.)	4960	13649	4	1687		1687	8480		8480	2529	30	2559	11		11	6544		6544
รวม	14,609	38,804	694	5,286	0	5,286	19,146	2	19,148	5,321	126	5,447	15	0	15	18,362	0	18,362
	14.27%	37.91%	0.68%		0.00%	5.16%		1.56%	18.71%		98.44%	5.32%		0.00%	0.01%		0.00%	17.94%

หมายเหตุ : ข้อมูลของกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์เฝ้าระวังตรวจสายพันธุ์ตั้งแต่วันที่ 30 เม.ย. 64 - 14 ต.ค. 2565

สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย Omicron จาก SNP/Deletion : ระหว่างวันที่ 8 ต.ค. – 14 ต.ค. 65

วัตถุประสงค์การตรวจ	Omicron lineage			
	SNP/Deletion (Potentially)			
	BA.2	BA.4/BA.5	BA.2.75	Total
กลุ่มผู้เดินทางเข้าราชอาณาจักร (SQ, AQ ,Sandbox, Test and Go)	0	8	0	8
กลุ่มอื่นๆ ภายในประเทศ	2	118	0	120
รวมทั้งหมด	2	126	0	128

WHO : Variants under monitoring

Pango lineage [#] (+ mutation)	Nextstrain clade	Relationship to circulating VOC lineages	Earliest documented samples
BA.5** (+R346X or +K444X or +V445X or +N450D or +N460X)	22B	BA.5 sublineages (e.g. BF.7, BF.14, BQ.1)	07-02-2022
BA.2.75***	22D	BA.2 sublineage	31-12-2021
BJ.1****	21L	BA.2 sublineage (B.1.1.529.2.10.1.1)	06-09-2021
BA.4.6	22A	BA.4 sublineage	20-07-2020
XBB ^{\$}	recombinant	Recombinant of BA.2.10.1 and BA.2.75 sublineages, i.e. BJ1 and BM.1.1.1, with a breakpoint in S1	13-08-2022
BA.2.3.20 [§]	21L	BA.2 sublineage	15-08-2022

Emerging variants display significant growth advantages over BA.5

สายพันธุ์ย่อยต่างๆ ที่เกิดขึ้นใหม่ มีวิวัฒนาการกลายพันธุ์บน receptor-binding site แตกต่างกันไป (ตำแหน่งและจำนวนที่เกิดการกลายพันธุ์) เช่น BA.2.3.20, BA.2.75.2, CA.1, BR.2, BN.1, BM.1.1.1, BU.1, BQ.1.1 และสายพันธุ์ลูกผสม XBB เป็นต้น ซึ่งพบมีความได้เปรียบในการเติบโต/แพร่ระบาดเมื่อเทียบกับ BA.5

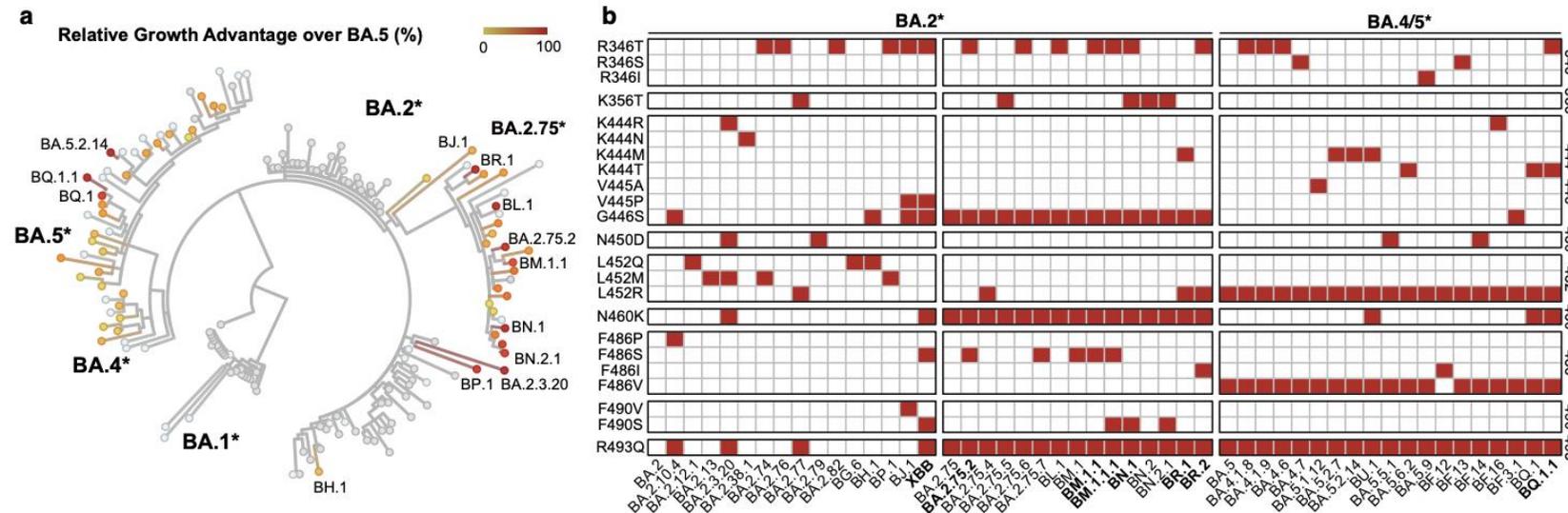


Fig. 1 | Convergent evolution of Omicron RBD with growth advantage over BA.5.

a, Whole-genome maximum likelihood phylogenetic analysis of Omicron subvariants. Variants with a growth advantage over the original BA.5 are colored. Relative growth advantage values are calculated using CoV-Spectrum website. b, Key RBD mutations in emerging SARS-CoV-2 BA.5 and BA.2.75 subvariants.

Relative growth advantage

Download CSV

Name	Query	Number sequences	Submitted in past 10 days	Relative growth advantage	CI (low) ↓	CI (high)	Description
≥7 key RBD mutations	[7-of: S:346, S:356, S:444, S:445, S:450, S:446, S:452, S:460, S:486, S:490, S:494, S:493Q] & !(S:346- S:356- S:444- S:445- S:450- S:446- S:452- S:486- S:490- S:494-) & !nextstrainClade:21K	210	184	297.64%	242.25%	353.03%	XBB, BA.4/5 + 4 RBD mutations (none exist yet), BA.2.75 + 4 RBD mutations (none yet)
≥6 key RBD mutations	[6-of: S:346, S:356, S:444, S:445, S:450, S:446, S:452, S:460, S:486, S:490, S:494, S:493Q] & !(S:346- S:356- S:444- S:445- S:450- S:446- S:452- S:486- S:490- S:494-) & !nextstrainClade:21K	1099	720	118.02%	110.02%	126.03%	BA.4/5 + 3 RBD mutations (e.g. BQ.1.1), BA.2.75 + 3 RBD mutation (e.g. BN.1, BM.1.1.1), ...
≥5key RBD mutations	[5-of: S:346, S:356, S:444, S:445, S:450, S:446, S:452, S:460, S:486, S:490, S:494, S:493Q] & !(S:346- S:356- S:444- S:445- S:450- S:446- S:452- S:486- S:490- S:494-) & !nextstrainClade:21K	5172	2685	77.50%	75.27%	79.72%	BA.4/5 + 2 RBD mutations (e.g. BQ.1), BA.2.75 + 2 RBD mutation (e.g. BA.2.75.2), BA.2.3.20, ...
≥4 key RBD mutations	[4-of: S:346, S:356, S:444, S:445, S:450, S:446, S:452, S:460, S:486, S:490, S:494, S:493Q] & !(S:346- S:356- S:444- S:445- S:450- S:446- S:452- S:486- S:490- S:494-) & !nextstrainClade:21K	82261	18667	31.00%	30.78%	31.22%	BA.4/5 + 1 RBD mutation (e.g. BA.4.6, BF.7) or BA.2.75 + 1RBD mutation (e.g. BA.2.75.4, BA.2.75.5)
	[8-of: S:346, S:356, S:444, S:445, S:450,						



Cornelius Roemer
@CorneliusRoemer

If you want to connect this way of looking at things with various lineage names you may have heard of, this is a summary

Level 3 (not shown as "boring") = BA.4/5, BA.2.75 = BA.2 + 3 RBD muts

Level 4 = BA.4/5 + 1 RBD mut (e.g. BA.4.6, BF.7) or BA.2.75 + 1 RBD mut (BA.2.75.5) 3/

12:48 AM · Oct 7, 2022 · Twitter Web App



Cornelius Roemer
@CorneliusRoemer

Level 5 = BA.4/5 + 2 (BQ.1, ...) , BA.2.75 + 2 (BA.2.75.2, BY.1, ...)

Level 6 = BA.4/5 + 3 RBD mut (e.g. BQ.1.1) or BA.2.75 + 3 RBD mut (BN.1, BM.1.1.1, ...)

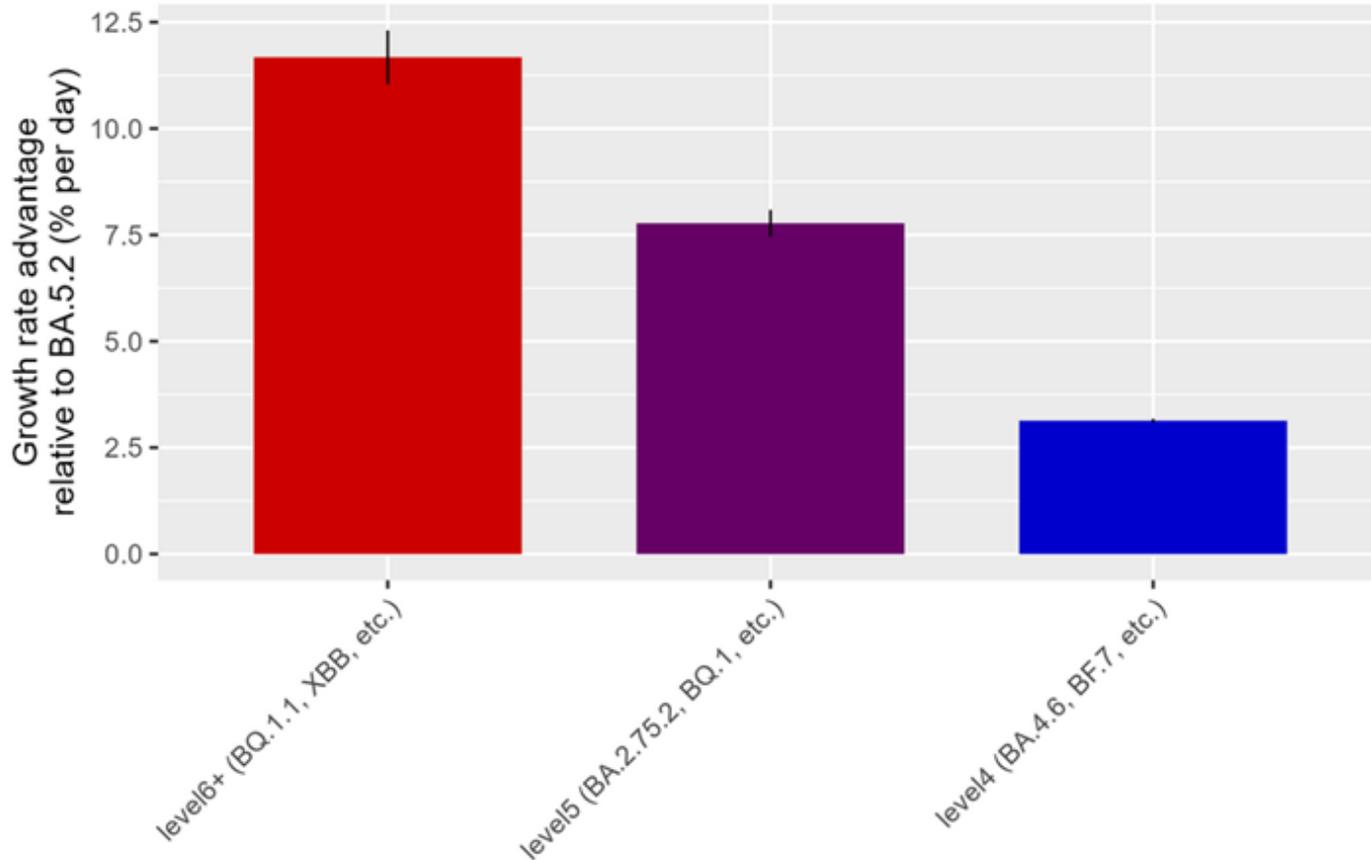
Level 7 = XBB or BA.4/5 + 4 RBD mut (none so far) or BA.2.75 + 4 RBD mut (none so far) 4/

12:48 AM · Oct 7, 2022 · Twitter Web App

Growth rate advantage

GROWTH RATE ADVANTAGE OF SARS-CoV2 VARIANTS

based on multinomial fit variant \sim ns(date, df=2)+ns(date, df=2):continent+country
GISAID & COG-UK data, using data from countries with ≥ 50 level5 or level6+ variants

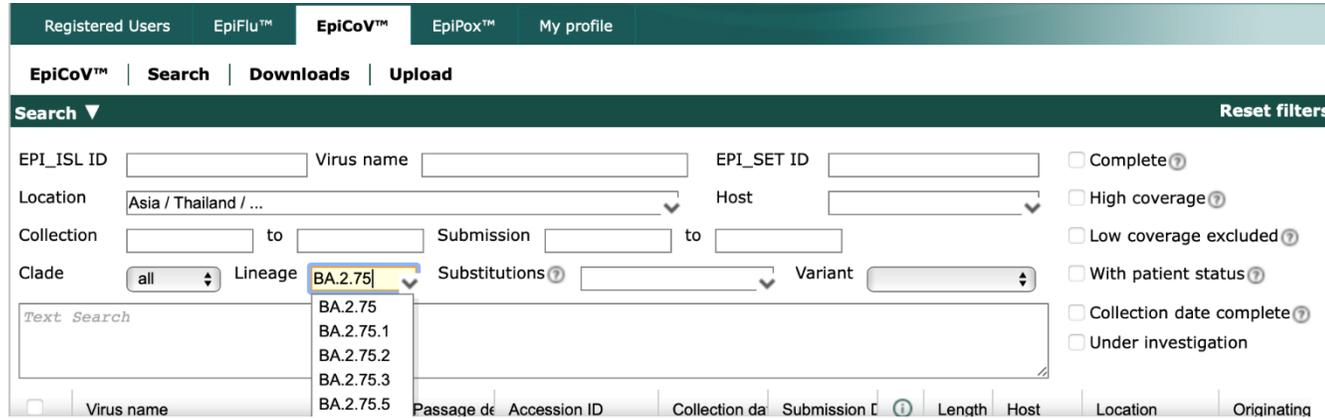


Laurie Garrett

@Laurie_Garrett

Many highly mutated forms of [#SARSCoV2](#) are spreading now in Europe & NoAmerica. All of them have evolved to evade our immune defenses, to one degree or another. And some seem to be super-spreaders. Mask up, Folks.

11:07 PM · Oct 14, 2022 · Twitter Web App



The screenshot shows the GISAID search interface with the following filters applied:

- Location: Asia / Thailand / ...
- Clade: all
- Lineage: BA.2.75
- Substitutions: [empty]
- Variant: [empty]

Additional filters on the right include: Complete, High coverage, Low coverage excluded, With patient status, Collection date complete, and Under investigation.

- จากฐานข้อมูล GISAID มีรายงาน BA.2.75 และ BA.2.75.x [BA.2.75.1 (5 ราย) / BA.2.75.2 (5 ราย) / BA.2.75.3 (2 ราย) / BA.2.75.5 (1 ราย)] ในประเทศไทย จำนวนรวม 19 ราย

- พบเพิ่มเติมในประเทศไทย (อยู่ระหว่างนำเข้าเผยแพร่บนฐานข้อมูล GISAID)

BA.2.75			
Accession ID	Collection date	Submission date	Location
EPI_ISL_13884499	2022-06-28	2022-07-18	Asia / Thailand / Trang
EPI_ISL_14158509	2022-07-07	2022-07-31	Asia / Thailand / Phrae
EPI_ISL_14479189	2022-06-28	2022-08-16	Asia / Thailand / Songkhla
EPI_ISL_14667493	2022-07-29	2022-08-26	Asia / Thailand / Bangkok
EPI_ISL_14723916	2022-07-15	2022-08-30	Asia / Thailand / Bangkok
EPI_ISL_14810400	2022-07-13	2022-09-05	Asia / Thailand / Phrae

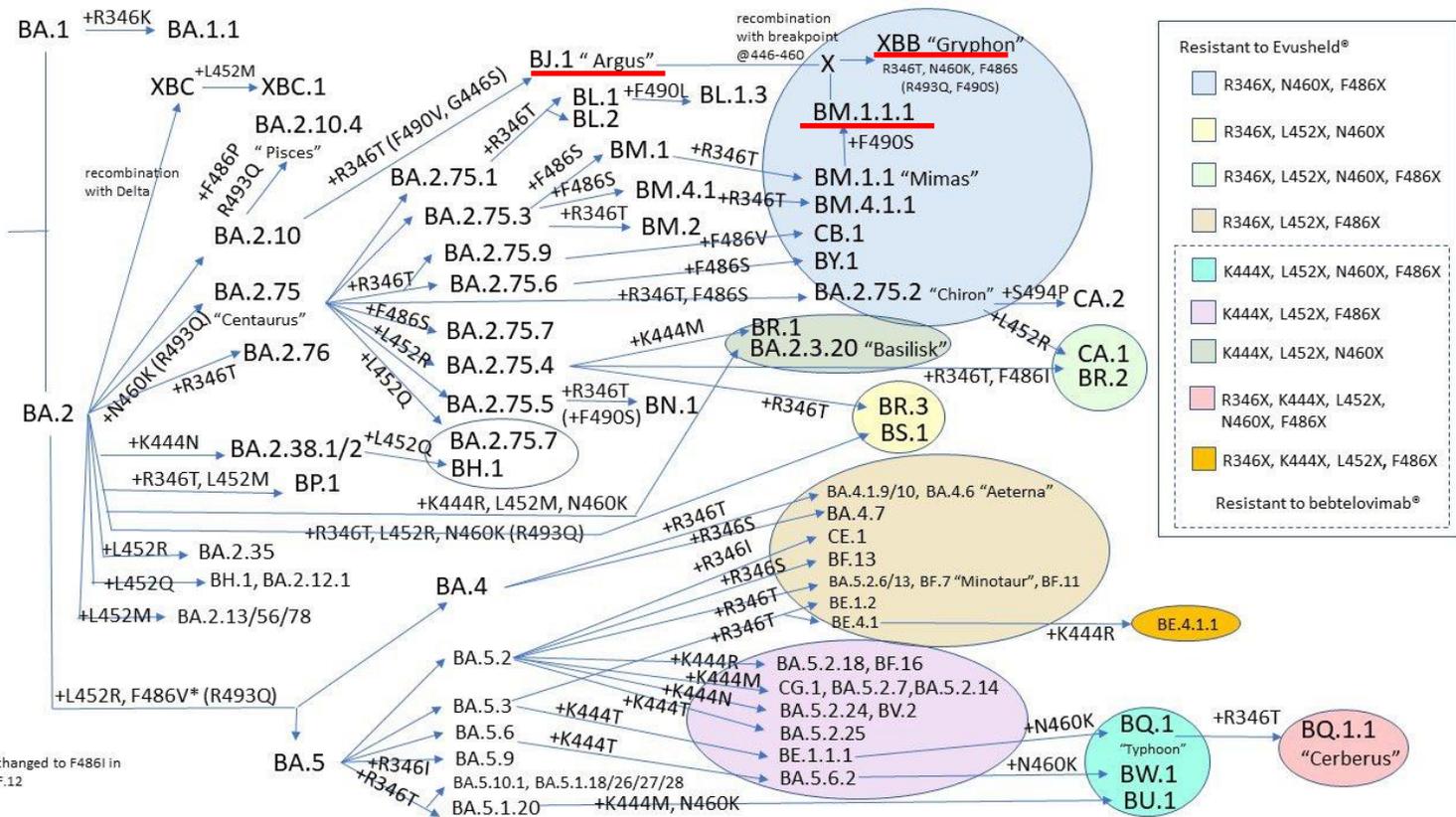
BA.2.75.1			
Accession ID	Collection date	Submission date	Location
EPI_ISL_14931889	2022-08	2022-09-13	Asia / Thailand / Bangkok
EPI_ISL_15057560	2022-08	2022-09-21	Asia / Thailand / Bangkok
EPI_ISL_15057561	2022-08	2022-09-21	Asia / Thailand / Bangkok
EPI_ISL_15233087	2022-08-30	2022-10-04	Asia / Thailand / Bangkok
EPI_ISL_15309818	2022-08-10	2022-10-10	Asia / Thailand / Bangkok

BA.2.75.2			
Accession ID	Collection date	Submission date	Location
EPI_ISL_14810437	2022-08-11	2022-09-05	Asia / Thailand / Bangkok
EPI_ISL_14931935	2022-08-18	2022-09-13	Asia / Thailand / Bangkok
EPI_ISL_15064239	2022-09	2022-09-21	Asia / Thailand / Bangkok
EPI_ISL_15233157	2022-09-01	2022-10-04	Asia / Thailand / Trat
EPI_ISL_15233192	2022-09-09	2022-10-04	Asia / Thailand / Bangkok

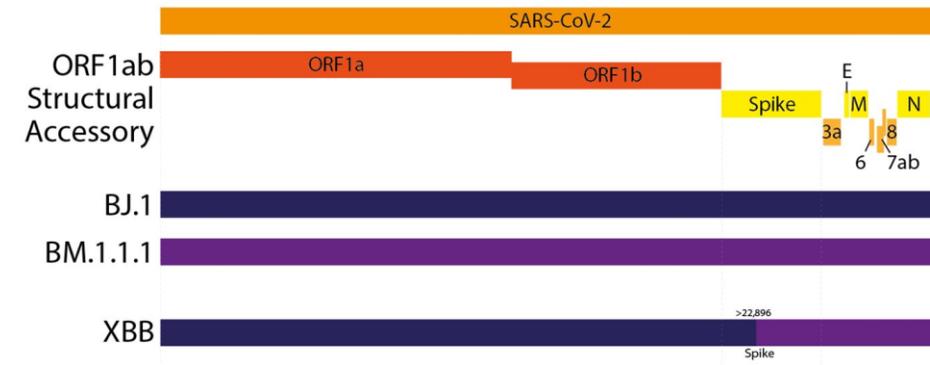
BA.2.75.3			
Accession ID	Collection date	Submission date	Location
EPI_ISL_14931927	2022-08	2022-09-13	Asia / Thailand / Bangkok
EPI_ISL_15233135	2022-08-29	2022-10-04	Asia / Thailand / Bangkok

BA.2.75.5			
Accession ID	Collection date	Submission date	Location
EPI_ISL_15234336	2022-08-22	2022-10-04	Asia / Thailand / Bangkok

XBB = BM.1.1.1 x BJ.1 (recombination with breakpoint @446-460)



- โอมิครอนสายพันธุ์ย่อย XBB เป็นสายพันธุ์ลูกผสมระหว่างสายพันธุ์ BJ.1 (หรือ BA.2.10.1.1) และ BM.1.1.1 (หรือ BA.2.75.3.1.1.1)
- BJ.1 และ BM.1.1.1 มีบรรพบุรุษร่วมกันคือ “BA.2”



[@CorneliusRoemer](#)
[@PeacockFlu](#)
[@SolidEvidence](#)
[@ewencallaway](#)
[@EricTopol](#)
[@RobertoBurioni](#)

https://mobile.twitter.com/dfocosi/status/1577568547227721729/photo/1

@PeacockFlu/Twitter

สถานการณ์ XBB ในประเทศไทย

Sequence name	QC	Clade	Pango lineage (Nextclade)	Mut.	non-ACGTN	Ns	Cov.	Gaps	Ins.	FS	SC	Nucleotide sequence
23632	N M P C F S	recombinant	XBB	81	0	359	97.5%	56	0	0	0 (1)	
23629	N M P C F S	recombinant	XBB	82	0	597	97.6%	56	0	0	0 (1)	

รายชื่อ 1

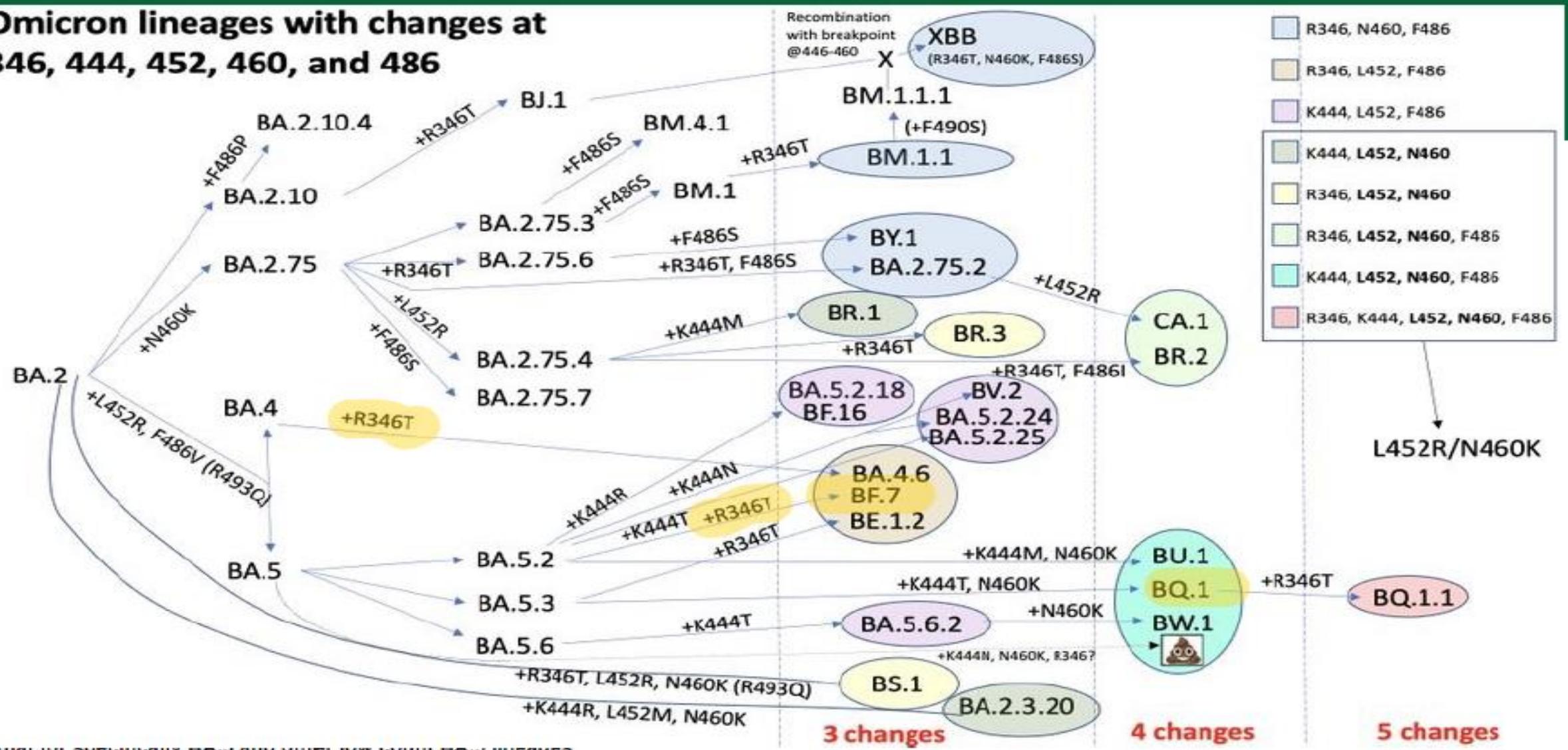
- หญิง ต่างชาติ อายุ 60 ปี
- อาการสำคัญ : ไอ ตรวจ ATK = Positive 1 วันก่อนมาโรงพยาบาล (28/09/2022)
- ผู้ป่วยมีประวัติเดินทางมาจากต่างประเทศ : ผู้ป่วยไม่ได้ให้ประวัติ แต่ผู้ป่วยแจ้งที่อยู่กับทางโรงพยาบาล คือ ฮองกง
- ขณะป่วยอาศัยที่ : โรงแรมแห่งหนึ่ง
- Home Isolate 28/09/2022-7/10/2022 : ระหว่างกักตัวผู้ป่วยไม่มีอาการไอ ไม่มีไข้
- หายเป็นปกติ

รายชื่อ 2

- หญิง ไทย อายุ 49 ปี
- อาการสำคัญ : ไอ คัดจมูก 2 วันก่อนมาโรงพยาบาล (27/09/2022)
- ผู้ป่วยให้ประวัติอาศัยอยู่ในประเทศไทย
- ขณะป่วยอาศัยที่ : บ้าน
- Home Isolate 27/09/2022-6/10/2022 : ระหว่างกักตัวผู้ป่วยมีอาการไอ ระบายคอ ไม่มีไข้
- หายเป็นปกติ

- พบผู้ติดเชื้อ 2 ราย ในประเทศไทย (อยู่ระหว่างนำเข้าเผยแพร่บนฐานข้อมูล GISAID)

Omicron lineages with changes at 346, 444, 452, 460, and 486



BF.7 (BA.5.2.1.7)

- โอมิครอนสายพันธุ์ย่อย BF.7 เป็นสายพันธุ์ลูกหลานของ BA.5.2.1 กลายพันธุ์ตำแหน่ง R346T
- มีความสามารถในการแพร่ระบาดน้อยกว่า XBB และ BQ.1.1 พบในประเทศจีน และแพร่กระจายไปยังเบลเยียม เยอรมนี ฝรั่งเศส เดนมาร์ก และอังกฤษ รวมถึงพบในไทย 2 ราย
- จากการคำนวณทางสถิติพบว่า BF.7 มี growth rate มากกว่า BA.5 ประมาณ 17.95%

SARS-CoV-2 variants of concern and variants under investigation in England

Technical briefing 46

7 October 2022



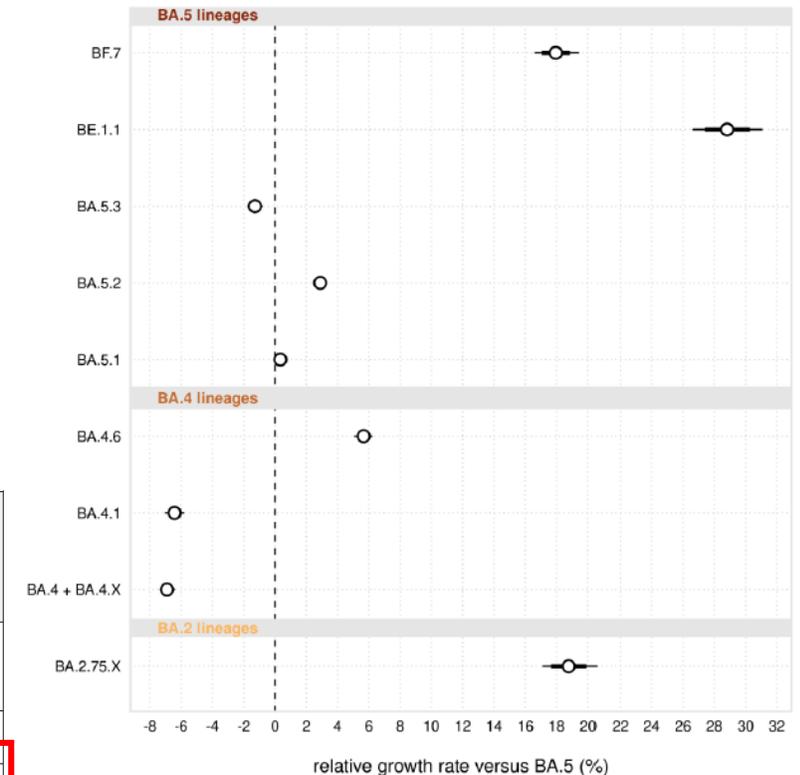
UK Health Security Agency

Table 2. Growth rate (GR) of variants and signals under monitoring as of 23 September 2022

Lineage	English Sequences used in MM*	MM England estimated prevalence*	MM estimate for the weekly growth relative to BA.5*	English Sequences Counts used in Logistic Regression and Generalised Additive Model	Logistic Regression GR (1/week)	Generalised Additive Model most recent GR (1/week)
BE.1.1 (includes BQ.X)	491	18.0% (CrI: 11.7 to 26.7)	28.82% (CrI: 26.61 to 31.09)	-	-	-
BQ.X	-	-	-	145	60%	34%
BF.7	350	7.26% (CrI: 4.53 to 11.1)	17.95% (CrI: 16.58 to 19.44)	511	32%	-4%
BA.4.6	1,360	6.39% (CrI: 4.13 to 10.2)	3.66% (CrI: 3.07 to 6.22)	3,112	8%	-7%
BA.2.75.X	254	5.18% (CrI: 3.05 to 8.39)	18.78% (CrI: 17.10 to 20.52)	286	41%	40%
BA.2.75.2	-	NA	-	52	-	-

*As of 25 September 2022, for MM estimates

Figure 7. Comparison of the estimated relative growth rates for BA.5 and BA.4 lineages versus that for specifically BA.5 and other low count BA.5 lineages (BA.5 + BA.5.X)



Data are taken from the Sanger mart
Early estimates of relative fitness advantage are highly confounded and subject to change
Pangolin lineage designations are volatile and may be revised



สถานการณ์ BF.7 ทั่วโลก และ ประเทศไทย



ข้อมูล ณ วันที่ 14 ตุลาคม 2565

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

EpiCoV™ | Search | Downloads | Upload

Search | Reset filters

EPI_ISL ID: Virus name: EPI_SET ID:

Location: Host:

Collection: to Submission: to

Clade: Lineage: Substitutions: Variant:

<input type="checkbox"/>	Virus name	Passage cl	Accession ID	Collection da	Submission C	Length	Host	Location	Originating
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Belgium/ULB-IBC_CV849042363	Original	EPI_ISL_13296474	2022-06-05	2022-06-15	28,572	Human	Europe / Belgium	National P
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Belgium/ULB-IBC_CV849035624	Original	EPI_ISL_13296472	2022-06-05	2022-06-15	28,572	Human	Europe / Belgium	National P
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Belgium/Jessa_11-2223-0057572	Original	EPI_ISL_13284669	2022-06-06	2022-06-14	29,767	Human	Europe / Belgium	Jessa
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/OCC-GENBIO-C16GN152	Original	EPI_ISL_13264346	2022-06-02	2022-06-13	29,049	Human	Europe / France	Med66 - N
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/OCC-GENBIO-C16GN153	Original	EPI_ISL_13264293	2022-06-02	2022-06-13	29,114	Human	Europe / France	Med66 - N
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/OCC-GENBIO-C16GN153	Original	EPI_ISL_13264281	2022-06-02	2022-06-13	29,083	Human	Europe / France	Med66 - N
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/USANY-PR-220608_02807202	Original	EPI_ISL_1326273	2022-06-07	2022-06-13	29,772	Human	North America / U	Pandemic
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Belgium/UZA-UA-CV833426084	Original	EPI_ISL_13202295	2022-06-06	2022-06-10	29,723	Human	Europe / Belgium	Platform B
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Belgium/UZA-UA-65949991/2022	Original	EPI_ISL_13202264	2022-06-02	2022-06-10	29,723	Human	Europe / Belgium	Algemeen
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Belgium/UGent-4078/2022	Original	EPI_ISL_13181336	2022-05-23	2022-06-09	29,749	Human	Europe / Belgium	Lab voor k
<input checked="" type="checkbox"/>	hCoV-19/Belgium/UZA-UA-CV8525438821	Original	EPI_ISL_12610243	2022-05-13	2022-05-20	29,723	Human	Europe / Belgium	Platform B

Total: 13,911 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.

สถานการณ์ BF.7 (ประเทศไทย)

Accession ID	Collection date	Submission date	Location
EPI_ISL_14931890	2022-08	2022-09-13	Asia / Thailand / Bangkok
EPI_ISL_15233175	2022-09-07	2022-10-04	Asia / Thailand / Bangkok

- ทั่วโลก รายงานโอไมครอนสายพันธุ์ย่อย BF.7 จำนวน 13,911 viruses
- ประเทศไทย พบ 2 ราย

Virus detail

Virus name: hCoV-19/Thailand/NIC_BKK_22876/2022

Accession ID: EPI_ISL_14931890

Type: betacoronavirus

Clade: GRA

Pango Lineage: BF.7 (Pango v.4.1.3 PLEARN-v1.15.1), Omicron (BA.5-like) (Scorpio)

AA Substitutions: Spike A27S, Spike D405N, Spike D614G, Spike D796Y, Spike E484A, Spike F486V, Spike G142D, Spike G339D, Spike H69del, Spike H655Y, Spike K417N, Spike L24del, Spike L452R, Spike N440K, Spike N501Y, Spike N679K, Spike N764K, Spike N969K, Spike P25del, Spike P26del, Spike P681H, Spike Q498R, Spike Q954H, Spike R346T, Spike R408S, Spike S371F, Spike S373P, Spike S375F, Spike S477N, Spike T19I, Spike T376A, Spike T478K, Spike V70del, Spike V213G, Spike Y505H, E T9I, M A63T, M D3N, M Q19E, N E31del, N G30del, N G204R, N P13L, N R32del, N R203K, N S33F, N S413R, NS3 T223I, NSP1 S135R, NSP3 G489S, NSP3 T24I, NSP4 L264F, NSP4 T327I, NSP4 T492I, NSP5 P132H, NSP6 F108del, NSP6 G107del, NSP6 S106del, NSP12 P323L, NSP13 R392C, NSP14 I42V, NSP15 T112I

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

Variant: Original

Passage details/history:

Sample information

Collection date: 2022-08

Location: Asia / Thailand / Bangkok

Host: Human

Additional location information:

Gender: Male

Patient age: unknown

Patient status: unknown

Specimen source: Nasal and throat swab

Additional host information: Foreigner

Sampling strategy:

Outbreak:

Last vaccinated:

Treatment:

Sequencing technology: Illumina MiSeq

Assembly method: DRAGEN COVID Lineage V.3.5.11

Coverage: Gap of 59 nucleotides when compared to the reference WIV04 sequence.

Comment:

Back | Contact Submitter | Metadata | FASTA

Virus detail

Virus name: hCoV-19/Thailand/DMS-12729/2022

Accession ID: EPI_ISL_15233175

Type: betacoronavirus

Clade: GRA

Pango Lineage: BF.7 (Pango v.4.1.3 PLEARN-v1.15.1), Omicron (BA.5-like) (Scorpio)

AA Substitutions: Spike A27S, Spike D405N, Spike D614G, Spike D796Y, Spike E484A, Spike F486V, Spike G142D, Spike G339D, Spike H69del, Spike H655Y, Spike K417N, Spike L24del, Spike L452R, Spike N440K, Spike N501Y, Spike N679K, Spike N764K, Spike N969K, Spike P25del, Spike P26del, Spike P681H, Spike Q498R, Spike Q954H, Spike R346T, Spike R408S, Spike S371F, Spike S373P, Spike S375F, Spike S477N, Spike T19I, Spike T376A, Spike T478K, Spike V70del, Spike V213G, Spike Y505H, E T9I, M A63T, M D3N, M Q19E, N E31del, N G30del, N G204R, N P13L, N R32del, N R203K, N S33F, N S413R, NS3 T223I, NSP1 S135R, NSP3 G489S, NSP3 T24I, NSP4 L264F, NSP4 T327I, NSP4 T492I, NSP5 P132H, NSP6 F108del, NSP6 G107del, NSP6 S106del, NSP12 P323L, NSP13 R392C, NSP14 I42V, NSP15 T112I

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

Variant: Original

Passage details/history:

Sample information

Collection date: 2022-09-07

Location: Asia / Thailand / Bangkok

Host: Human

Additional location information:

Gender: Female

Patient age: 62

Patient status: unknown

Specimen source: Nasopharyngeal swab

Additional host information:

Sampling strategy:

Outbreak:

Last vaccinated: AstraZeneca

Treatment:

Sequencing technology: Illumina NextSeq 550

Assembly method: DRAGEN COVID Lineage V.3.5.10

Coverage: 2,990x

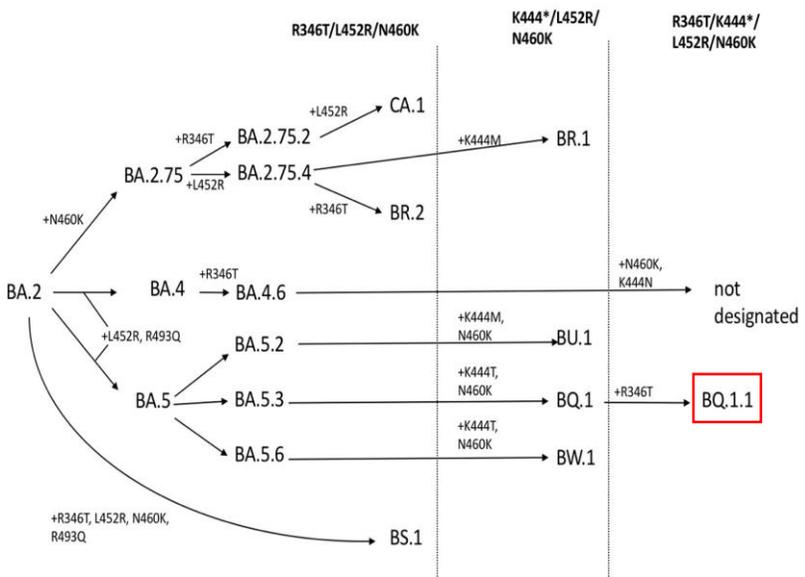
Back | Contact Submitter | Metadata | FASTA

- ชาย ต่างชาติ อายุ 16 ปี
- อาศัยอยู่ในประเทศไทย
- กรุงเทพมหานคร
- Collection date - ส.ค. 2565
- Submission date 13 ก.ย. 2565
- อาการไอ เจ็บคอเล็กน้อย

- หญิง ไทย อายุ 62 ปี
- บุคลากรทางการแพทย์
- กรุงเทพมหานคร
- Collection date 7 ก.ย. 2565
- Submission date 4 ต.ค. 2565
- ผู้ป่วยมีอาการไม่รุนแรง
- แต่มีปัจจัยเสี่ยงต่อการเป็นโรครุนแรง (กลุ่ม 608)

BQ.1.1 หรือ BA.5.3.1.1.1.1.1

- BQ.1.1 = BA.5.3 กลายพันธุ์หลายตำแหน่งบน receptor binding protein ได้แก่ R346T, K444T, และ N460K ช่วยให้สามารถหลบภูมิคุ้มกันได้ดี
- ทั่วโลกมีรายงาน 1,284 viruses
- ยังไม่พบรายงานในประเทศไทย



อ้างอิง : [Twitter@Marc_Veld](https://twitter.com/Marc_Veld)

Registered Users EpiFlu™ EpiCoV™ EpiPox™ My profile

EpiCoV™ Search Downloads Upload

Search

EPI_ISL ID Virus name EPI_SET ID Complete High cover Low cover With patient Collection Under inv

Location Host

Collection to Submission to

Clade all Lineage **BQ.1.1** Substitutions Variant

Text Search

<input checked="" type="checkbox"/>	Virus name	Passage dt	Accession ID	Collection da	Submission E	Length	Host	Location
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/PDL-IPP51877/2022	Original	EPI_ISL_15368082	2022-10-03	2022-10-14	29,723	Human	Europe / Fr
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/PDL-IPP51887/2022	Original	EPI_ISL_15368075	2022-10-03	2022-10-14	29,723	Human	Europe / Fr
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/DF-IPP51854/2022	Original	EPI_ISL_15368066	2022-10-03	2022-10-14	29,723	Human	Europe / Fr
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/DF-IPP51853/2022	Original	EPI_ISL_15368065	2022-10-03	2022-10-14	29,723	Human	Europe / Fr
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/DF-IPP51851/2022	Original	EPI_ISL_15368064	2022-10-03	2022-10-14	29,723	Human	Europe / Fr
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/DF-IPP51849/2022	Original	EPI_ISL_15368063	2022-10-03	2022-10-14	29,723	Human	Europe / Fr
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/DF-IPP51843/2022	Original	EPI_ISL_15368061	2022-10-03	2022-10-14	29,723	Human	Europe / Fr
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/DF-IPP51842/2022	Original	EPI_ISL_15368060	2022-10-03	2022-10-14	29,723	Human	Europe / Fr
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/DF-IPP51841/2022	Original	EPI_ISL_15368059	2022-10-03	2022-10-14	29,723	Human	Europe / Fr
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/DF-IPP51840/2022	Original	EPI_ISL_15368058	2022-09-29	2022-10-14	29,723	Human	Europe / Fr
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/DF-IPP51836/2022	Original	EPI_ISL_15368057	2022-10-03	2022-10-14	29,723	Human	Europe / Fr
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/DF-IPP51835/2022	Original	EPI_ISL_15368056	2022-10-03	2022-10-14	29,723	Human	Europe / Fr
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/DF-IPP51831/2022	Original	EPI_ISL_15368053	2022-10-03	2022-10-14	29,723	Human	Europe / Fr
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/DF-IPP51829/2022	Original	EPI_ISL_15368052	2022-10-03	2022-10-14	29,723	Human	Europe / Fr
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/DF-IPP51828/2022	Original	EPI_ISL_15368051	2022-10-03	2022-10-14	29,723	Human	Europe / Fr
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/DF-IPP51826/2022	Original	EPI_ISL_15368049	2022-10-02	2022-10-14	29,723	Human	Europe / Fr
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/HDF-IPP51805/2022	Original	EPI_ISL_15368038	2022-10-03	2022-10-14	29,723	Human	Europe / Fr
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/HDF-IPP51804/2022	Original	EPI_ISL_15368037	2022-10-03	2022-10-14	29,723	Human	Europe / Fr
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/DF-IPP51782/2022	Original	EPI_ISL_15368025	2022-10-03	2022-10-14	29,723	Human	Europe / Fr
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/France/DF-IPP51780/2022	Original	EPI_ISL_15368023	2022-10-03	2022-10-14	29,723	Human	Europe / Fr
<input type="checkbox"/>	hCoV-19/Spain/CT-HUVH-E81028/2022	Original	EPI_ISL_15367829	2022-10-03	2022-10-14	29,752	Human	Europe / Sp

Total: 1,284 viruses

Important note: In the GISAID EpiFlu™ Database Access Agreement, you have accepted certain terms and conditions for viewing and using data regarding influenza vi 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 su 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 influen

Tom Peacock @PeacockFlu
Replying to @PeacockFlu

BQ.1.1 is BA.5 but has gained several additional mutations in the RBD - R346T, K444T and N460K - if those positions sound familiar its because they're very similar to whats appearing in a lot of other variants right now - some massive convergent evolution happening

Immune Escape vs ACE2 Binding (relative to BA.2) - USA 15DayTrends by [Raj Rajnarayanan](#)

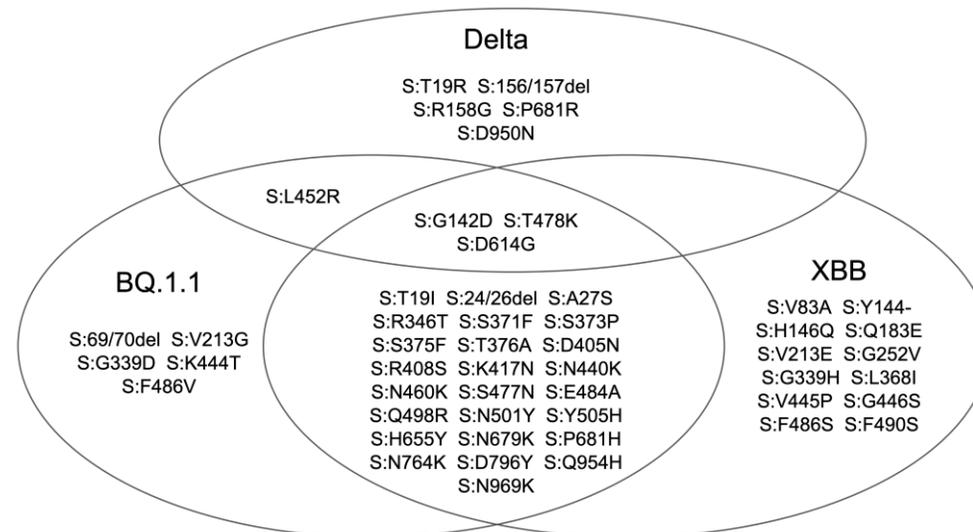
Immune Escape Vs ACE2 Binding (relative to BA.2)



This graph by [@RajlabN](#) indicates the 2 new variants with highest level of immune escape: XBB and BQ.1.1
แปลทวิต

XBB และ BQ.1.1 เป็นสายพันธุ์ที่หลบเลี่ยงภูมิคุ้มกันได้ดีที่สุด

Venn Diagram of Spike Mutations in Delta, BQ.1.1 and XBB

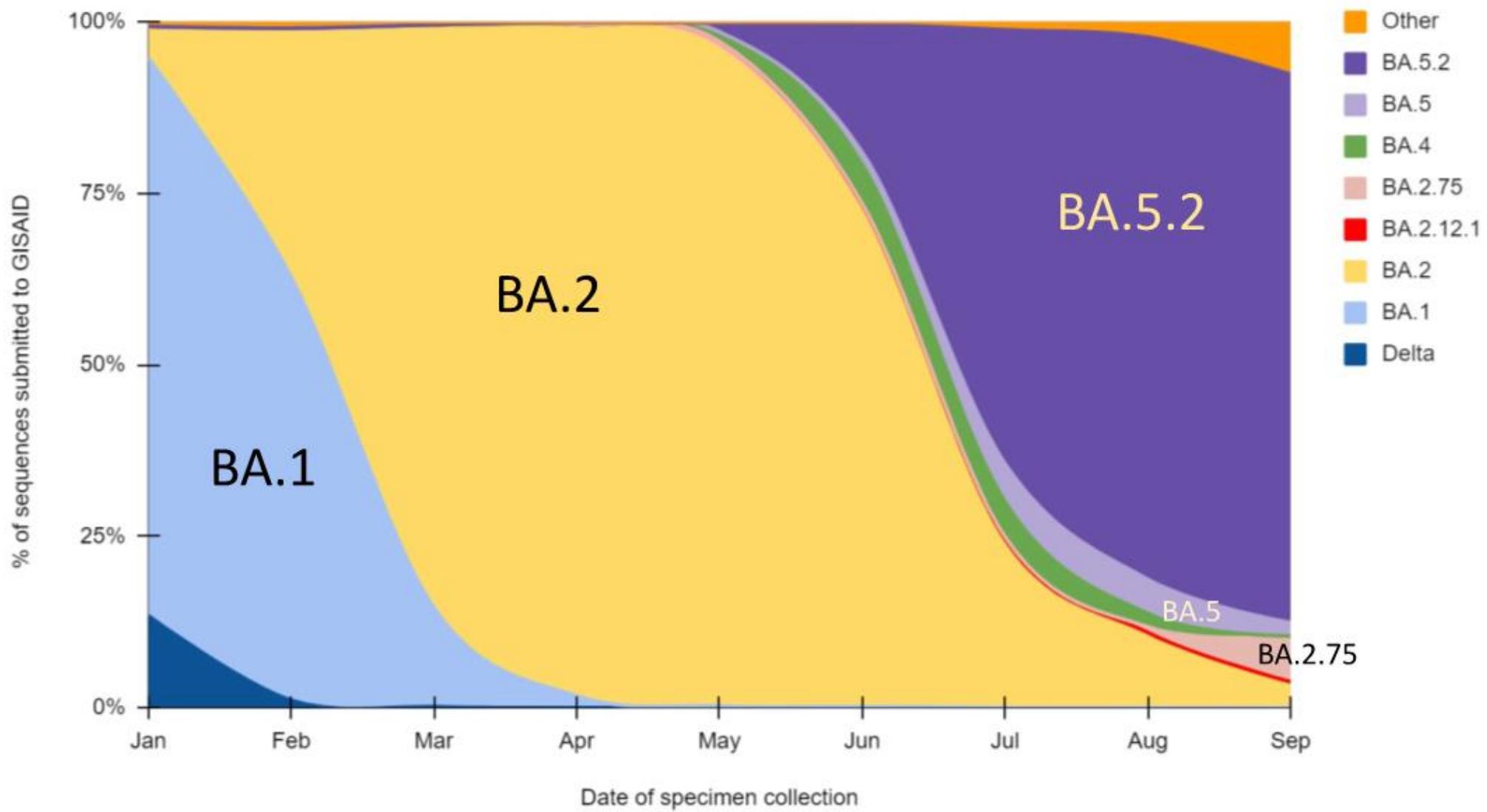


Created by [@CorneliusRoemer](#) (Nextstrain) on 2022-10-14 (v1.1)
Data from covSpectrum: <https://tinyurl.com/spikevenndata>
Available at: <https://tinyurl.com/spikevenn> under CC BY-SA 4.0



สรุปสถานการณ์ Emerging variants ในประเทศไทย

ข้อมูล ณ วันที่ 14 ตุลาคม 2565



สรุปสถานการณ์ Emerging variants ในประเทศไทย

ข้อมูล ณ วันที่ 14 ตุลาคม 2565

	จำนวนที่พบ (ราย)*
BA.2.75.2	8
BN.1	10
BF.7	2
XBB	2

*<https://gisaid.org> และ อยู่ระหว่างนำเข้าสู่ข้อมูลเผยแพร่

Dr. Maria Van Kerkhove COVID-19 Technical Lead, WHO

- กล่าวว่าในปัจจุบันสายพันธุ์ที่ระบาดหลักยังเป็น Omicron ซึ่งมีสายพันธุ์ย่อยมากมาย
- WHO ยังคงเฝ้าระวังสายพันธุ์ย่อยต่าง ๆ มากกว่า 300 สายพันธุ์ร่วมกับเครือข่ายนักวิจัย เนื่องจากไวรัสยังมีการวิวัฒนาการและกลายพันธุ์อย่างต่อเนื่อง ทำให้ยังคงต้องมีการติดตามการเปลี่ยนแปลงเหล่านั้น
- BA.5* ยังคงเป็นสายพันธุ์ที่ระบาดหลักทั้งโลก มี 76.2% ของจำนวน sequence ที่แชร์ใน GISAID
- BA.4 (รวม BA.4.6) มีประมาณ 7% และยังมีสายพันธุ์ย่อยของ BA.2* อีกประมาณ 3.9%



- สายพันธุ์ย่อยต่างๆ ยังคงมีลักษณะที่คล้ายคลึงกับโอมิครอนสายพันธุ์หลัก คือ มีความสามารถในการแพร่ได้ไว้มากกว่าสายพันธุ์ที่เคยระบาดมาก่อน แต่ไม่พบความแตกต่างในด้านความรุนแรงของโรค
- การใส่หน้ากากอนามัย การเว้นระยะห่าง และการฉีดวัคซีน ยังสามารถช่วยป้องกันโรค แม้ว่าจะมีสายพันธุ์ย่อยๆ เพิ่มขึ้นมากมายในหลายประเทศ

D-M-H-T คือ D : Distancing เว้นระยะห่าง M : Mask wearing สวมหน้ากาก H : Hand washing ล้างมือบ่อย ๆ T : Testing ตรวจเชื้อโควิด-19 เมื่อมีอาการ หรือตรวจให้ไว

วัคซีนเข็มกระตุ้นยังเป็นสิ่งที่จำเป็น โดยเฉพาะกลุ่ม 608 และในกรณีที่ฉีดเข็มสุดท้ายเกิน 4-6 เดือน

ขอบคุณครับ



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
DEPARTMENT OF MEDICAL SCIENCES