



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์  
Department of Medical Sciences



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์  
DEPARTMENT OF MEDICAL SCIENCES

# ข้อมูลการจำแนกตามสายพันธุ์ที่เฝ้าระวัง และการกลายพันธุ์ของเชื้อ

โดย นายแพทย์ศุภกิจ ศิริลักษณ์  
อธิบดีกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์

2 พฤศจิกายน 2565



# สถานการณ์ SARS-CoV-2 VOI และ VOC จากฐานข้อมูล GISAID

- 17 กันยายน – 17 ตุลาคม 2565 มีรายงานจำนวน 98,731 SARS-CoV-2 sequences
- จำนวน 98,386 sequences อยู่ในกลุ่ม Omicron variant of concern (VOC) คิดเป็น 99.7% ของจำนวน sequences ในรอบ 30 วัน
- 26 กันยายน – 2 ตุลาคม 2565 มีรายงานจำนวน sequences ที่เผยแพร่บนฐานข้อมูล GISAID จากมากไปน้อย ดังนี้
  - BA.5 และสายพันธุ์ลูกหลาน คิดเป็น 78.9%
  - BA.4 และสายพันธุ์ลูกหลาน คิดเป็น 6.7% (including BA.4.6)
  - BA.2 และสายพันธุ์ลูกหลาน คิดเป็น 3.9% (including BA.2.75)
- WHO ติดตามความสามารถในการหลบภูมิคุ้มกัน ความรุนแรงของโรค ในกลุ่มโอมิครอนสายพันธุ์ใหม่ที่เกิดขึ้นรวมถึงสายพันธุ์ลูกผสม
  - ณ วันที่ 17 ตุลาคม 2565 พบมีรายงานสายพันธุ์ลูกผสม XBB ใน 26 ประเทศ; 233 XBB sequences และ 609 XBB.1 sequences (XBB ที่มีตำแหน่งกลายพันธุ์เพิ่มที่ตำแหน่ง G252V)
  - ข้อมูลเบื้องต้น พบสายพันธุ์ลูกผสมนี้ หลบภูมิคุ้มกันได้ดี มีความได้เปรียบของการเพิ่มจำนวน แต่ยังไม่มีความชัดเจนของการเปลี่ยนแปลงด้านความรุนแรงของโรค

# สถานการณ์ SARS-CoV-2 VOI และ VOC จากฐานข้อมูล GISAID

Table 2. Relative proportions of SARS-CoV-2 sequences over the last four weeks by specimen collection date

Lineage	Countries	Sequences	Last 4 weeks by collection date (%)			
			2022-37	2022-38	2022-39	2022-40
BA.1.X	184	2 192 470	0.04	0.04	0.02	0.03
BA.2.X	164	2 018 702	2.93	3.12	3.61	4.34
BA.3.X	28	791	0.0	0.0	0.0	0.0
BA.4.X	124	113 056	7.42	7.24	6.68	5.39
BA.5.X	142	1 067 974	85.84	83.47	80.15	77.12
Unassigned	86	102 296	3.49	5.71	8.86	11.68
Other	204	6 595 633	0.17	0.14	0.13	0.15
<b>Omicron subvariants under monitoring</b>						
BA.5 (+ 5 mutations)	103	57 679	11.58	13.75	16.77	20.71
BA.2.75.X	63	15 585	2.27	2.51	2.76	3.22
BA.4.6.X	87	36 469	5.77	5.82	5.48	4.39
BJ.1 (BA.2 subvariant)	11	118	0.01	0.01	0.01	0.01
XBB.X	27	880	0.11	0.27	0.56	1.29
BA.2.3.20.X	27	613	0.21	0.24	0.35	0.36
BQ.1.X (BA.5 subvariant)	51	4 855	0.84	1.64	3.51	5.96

Table 2 shows the number of countries reporting the highlighted lineages, the total number of sequences reported and the prevalence of the lineages for the last four weeks. BA.1.X, BA.2.X, BA.3.X, BA.4.X and BA.5.X include all BA.1, BA.2, BA.3, BA.4 and BA.5 pooled descendent lineages. The Unassigned category includes lineages pending for a Pango lineage name, whereas the Other category includes lineages other than those listed in the legend. The Omicron subvariants under monitoring are updated regularly, more detailed information can be found at the WHO variant tracking site. Data source: sequences and metadata from GISAID, retrieved on 24 October 2022.

Figure 4. Panel A and B: The number and percentage of SARS-CoV-2 sequences, as of 24 October 2022

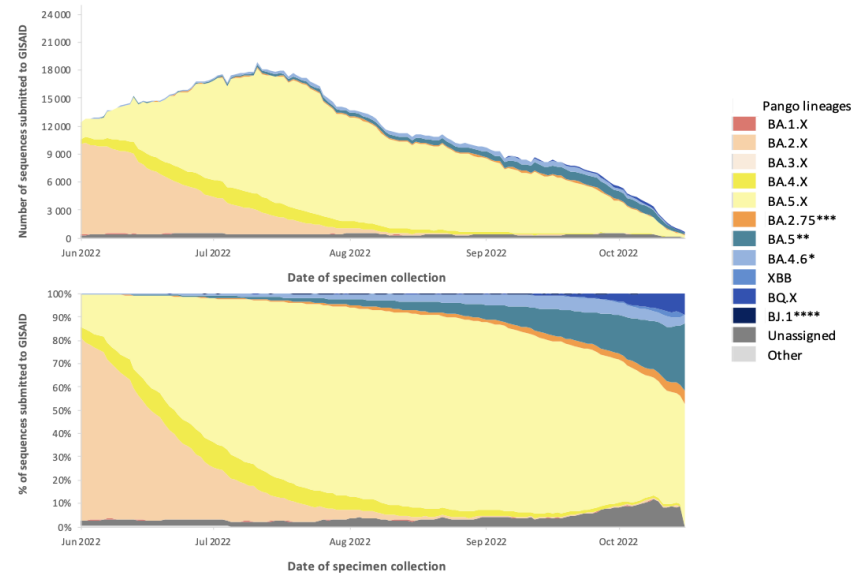
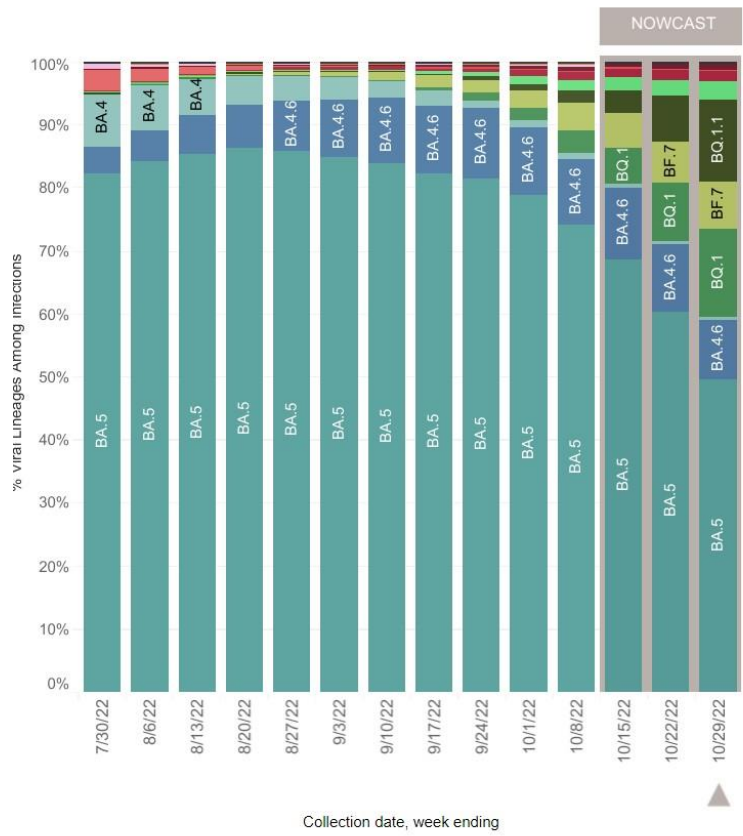


Figure 4 Panel A shows the number, and Panel B the percentage, of all circulating variants since June 2022. Omicron sister-lineages and additional Omicron VOC descendent lineages under further monitoring are shown. BA.1.X, BA.2.X, BA.3.X, BA.4.X and BA.5.X include all BA.1, BA.2, BA.3, BA.4 and BA.5 pooled descendent lineages, except the Omicron subvariants under monitoring shown individually. The Unassigned category includes lineages pending for a Pango lineage name, whereas the Other category includes lineages that are assigned but not listed in the legend. Source: SARS-CoV-2 sequence data and metadata from GISAID, as of 24 October 2022.

- 24 กันยายน – 24 ตุลาคม 2565 มีรายงานจำนวน 107,952 SARS-CoV-2 sequences
- จำนวน 107,952 sequences อยู่ในกลุ่ม Omicron variant of concern (VOC) คิดเป็น 99.7% ของจำนวน sequences ในรอบ 30 วัน
- 3 – 9 ตุลาคม 2565 มีรายงานจำนวน sequences ที่เผยแพร่บนฐานข้อมูล GISAID จากมากไปน้อย ดังนี้
  - lineages of Omicron (category unassigned) คิดเป็น 11.7%
  - XBB recombinants และ XBB.1 คิดเป็น 1.4%
  - ไม่พบรายงานสายพันธุ์อื่นนอกจากโอไมครอน
- สายพันธุ์โอไมครอนจนถึงปัจจุบันมีสายพันธุ์น้อยกว่า 390 สายพันธุ์ โดยที่เป็นสายพันธุ์ลูกผสม จำนวน 48 สายพันธุ์
- สายพันธุ์โอไมครอน BA.5 ยังคงพบจำนวนมาก คิดเป็น 77.1% ตามด้วย BA.4 คิดเป็น 5.4% และ BA.2 ซึ่งพบมีแนวโน้มสูงขึ้น คิดเป็น 4.3%

# สถานการณ์ทั่วโลก




USA

WHO label	Lineage #	US Class	%Total	95%PI
Omicron	BA.5	VOC	49.6%	45.3-53.9%
	BQ.1	VOC	14.0%	11.2-17.5%
	BQ.1.1	VOC	13.1%	9.8-17.3%
	BA.4.6	VOC	9.6%	8.6-10.7%
	BF.7	VOC	7.5%	6.6-8.5%
	BA.5.2.6	VOC	2.8%	2.3-3.5%
	BA.2.75	VOC	1.8%	1.5-2.2%
	BA.2.75.2	VOC	1.2%	0.9-1.6%
	BA.4	VOC	0.2%	0.2-0.3%
	BA.2.12.1	VOC	0.0%	0.0-0.0%
	BA.1.1	VOC	0.0%	0.0-0.0%
BA.2	VOC	0.0%	0.0-0.0%	
B.1.1.529	VOC	0.0%	0.0-0.0%	
Delta	B.1.617.2	VBM	0.0%	0.0-0.0%
Other	Other*		0.0%	0.0-0.1%

\* Enumerated lineages are US VOC and lineages circulating above 1% nationally in at least one week period. "Other" represents the aggregation of lineages which are circulating <1% nationally during all weeks displayed.  
\*\* These data include Nowcast estimates, which are modeled projections that may differ from weighted estimates generated at later dates  
# BA.1, BA.3 and their sublineages (except BA.1.1 and its sublineages) are aggregated with B.1.1.529. Except BA.2.12.1, BA.2.75, BA.2.75.2 and their sublineages, BA.2 sublineages are aggregated with BA.2. Except BA.4.6, sublineages of BA.4 are aggregated to BA.4. Except BF.7, BA.5.2.6, BQ.1 and BQ.1.1, sublineages of BA.5 are aggregated to BA.5. For all the lineages listed in the above table, their sublineages are aggregated to the listed parental lineages respectively. Previously, BA.5.2.6 were aggregated with BA.5. Lineages BA.2.75.2, BA.4.6, BF.7, BA.5.2.6 and BQ.1.1 contain the spike substitution R346T.

- จากสถานการณ์ในยุโรป และสหรัฐอเมริกา มีแนวโน้มที่สายพันธุ์ BQ.1 / BQ.1.1 จะเป็นสายพันธุ์หลักแทน BA.5
- ยังไม่พบหลักฐานว่าสายพันธุ์ BQ.1 / BQ.1.1 มีความรุนแรงกว่า BA.4/BA.5



EPIDEMIOLOGICAL UPDATE

## Spread of the SARS-CoV-2 Omicron variant sub-lineage BQ.1 in the EU/EEA

21 October 2022

### Key messages

- European Union/European Economic Area (EU/EEA) countries have detected the circulation of SARS-CoV-2 variant sub-lineages BQ.1 in levels ranging from 0–19% during week 40. This variant originates from the BA.5 Omicron Variant of Concern (VOC).
- BQ.1, including its sub-lineages, has been designated as Variant of Interest (VOI) by ECDC as of 20 October 2022. Based on modelling estimates, it is expected that by mid-November to beginning of December 2022, more than 50% of SARS-CoV-2 infections will be due to BQ.1/BQ.1.1. By the beginning of 2023, more than 80% of SARS-CoV-2 cases are expected to be due to BQ.1/BQ.1.1.
- The observed increase in the growth rate of BQ.1 is probably driven mainly by immune escape. This variant and its sub-lineages will probably contribute to a further increase in cases of COVID-19 in the EU/EEA in the coming weeks and months. The extent of the increase in COVID-19 cases will depend on various factors, including immune protection against infection influenced by the timing and coverage of COVID-19 vaccination regimes, and the extent, timing and variant landscape of previous SARS-CoV-2 pandemic waves. Based on limited available data, there is no evidence of BQ.1 being associated with a greater infection severity than the circulating variants BA.4/BA.5.
- Countries should remain vigilant for signals of BQ.1 emergence and spread; maintain sensitive and representative testing and genomic surveillance with timely sequence reporting and strengthen sentinel surveillance systems (primary care ILI/ARI and SARI).
- Countries should continue to monitor COVID-19 case rates - especially in people aged 65 years and older - and severity indicators such as hospitalisations, ICU admissions, ICU occupancy and death.
- Improving COVID-19 vaccine uptake of the primary course and first booster dose remains a priority for all eligible individuals that are not up-to-date with the recommended schedule. For the time being, for current autumn/winter vaccination campaigns, an additional booster dose should also be offered, prioritising individuals who are at risk of progression to severe disease, such as older adults (e.g. above 60 years of age), immunocompromised individuals and those with underlying medical conditions, and pregnant women. Residents and staff in long-term care facilities, as well as healthcare workers should also be considered among priority groups.

# WHO : Previously circulating variants of concerns (VOCs)

## Previously circulating VOCs:

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-2022

\*Includes all descendent lineages.

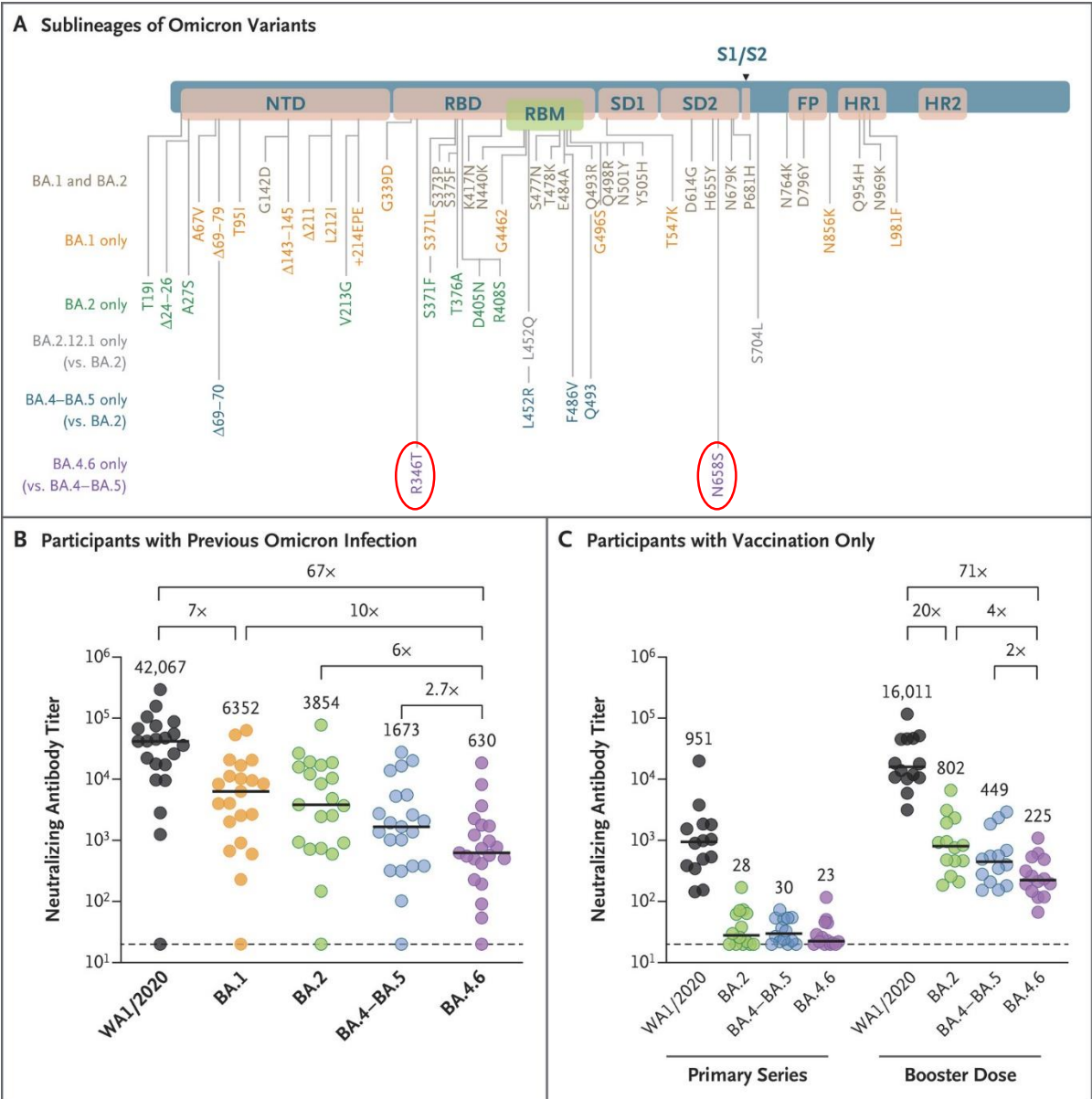


# BA.4.6

กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์  
Department of Medical Sciences

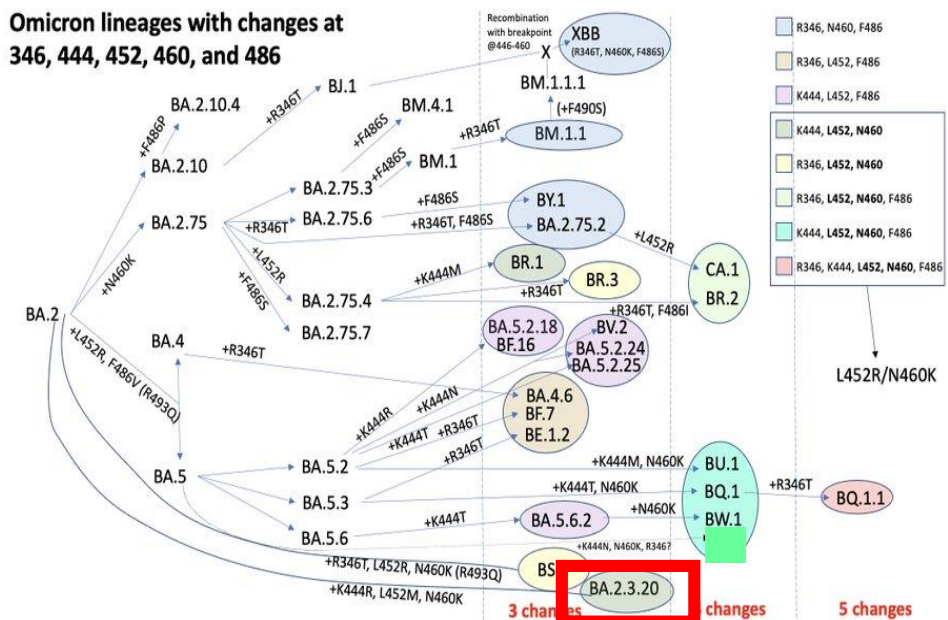
- สายพันธุ์ย่อย BA.4 ที่มีตำแหน่งกลายพันธุ์เพิ่มขึ้น 2 ตำแหน่งบนโปรตีนหนาม ได้แก่ R346T และ N658S
- ณ วันที่ 24 ตุลาคม 2565 GISAID เผยแพร่จำนวน 39,301 sequences
- BA.4.6 สามารถหลบภูมิคุ้มกันได้ดี
- ระดับ neutralizing antibodies titer ต่อ BA.4.6 ต่ำกว่า BA.5 ประมาณ 2.7 เท่า (ทดสอบในผู้ติดเชื้อโอไมครอน BA.1 และ BA.2 ระยะเวลา 21 วันหลังติดเชื้อ)
- ระดับ neutralizing antibodies titer ต่อ BA.4.6 ต่ำกว่า BA.5 ประมาณ 2 เท่า (ทดสอบในผู้ได้รับวัคซีน mRNA-1273 vaccine (Moderna) ระยะเวลา 6 เดือนหลังรับวัคซีนครบ 2 เข็มแรก)

Lineage	Most common countries	Earliest date	# designated	# assigned	Description	WHO Name
BA.4.6	United States of America 62.0%, United Kingdom 8.0%, Canada 7.0%, Denmark 3.0%, France 2.0%	2022-03-12	1255	27769	Alias of B.1.1.529.4.6, mainly found in USA, England and Denmark from panglo-designation issue #741	



# BA.2.3.20

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



## Omicron subvariants under monitoring (as of 12 October 2022)

Pango lineage* (+ mutation)	GISAID clade	Nextstrain clade	Relationship to circulating VOC lineages	Spike genetic features	Earliest documented samples
BA.5** (+R346X or +K444X or +V445X or +N450D or +N460X)	GRA	22B	BA.5 sublineages (e.g. BF.7, BF.14, BQ.1)	BA.5 + one or more of these mutations: S:R346X, S:K444X, S:V445X, S:N450D or S:N460X	7/2/2022
BA.2.75***	GRA	22D	BA.2 sublineage	BA.2.75: BA.2 + S:K147E, S:W152R, S:F157L, S:I210V, S:G257S, S:D339H, S:G446S, S:N460K, S:Q493R reversion BA.2.75.2: BA.2.75 + S:R346T, S:F486S, S:D1199N	31/12/2021
BJ.1****	GRA	21L	BA.2 sublineage (B.1.1.529.2.10.1.1)	BA.2+S:V83A, S:Y144-, S:H146Q, S:Q183E, S:V213E, S:G339H, S:R346T, S:L368I, S:V445P, S:G446S, S:V483A, S:F490V, S:G798D, S:S1003I	6/9/2021
BA.4.6	GRA	22A	BA.4 sublineage	BA.4+S:R346T, S:N658S	20/7/2020
XBB <sup>§</sup>		recombinant	Recombinant of BA.2.10.1 and BA.2.75 sublineages, i.e. BJ.1 and BM.1.1.1, with a breakpoint in S1	BA.2+ S:V83A, S:Y144-, S:H146Q, S:Q183E, S:V213E, S:G252V, S:G339H, S:R346T, S:L368I, S:V445P, S:G446S, S:N460K, S:F486S, S:F490S	13/8/2022
BA.2.3.20 <sup>§</sup>	GRA	21L	BA.2 sublineage	BA.2+ S:M153T, S:N164K, S:H245N, S:G257D, S:K444R, S:N450D, S:L452M, S:N460K, S:E484R	15/8/2022

ที่มา : <https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>



**Raj Rajnarayanan** @Rajla... · 25/9/65 ...

กำลังตอบกลับถึง @TWenseleers @GISAID และ @CovidGenomicsUK

mAb therapeutics like Bebtelovimab & Evushed etc will work w/ **BA.2.3.20**

It has S:**K444R** rather than the more concerning K444T immune evasive mutation.

Plus L452M vs rather than a L452R



**Mike Honey** @Mike\_Honey\_

Here's the latest variant picture for the BA.2.3.20 lineage, nickname "Basilisk".

It's early growth stalled in Singapore (5%), which is now almost dominated by XBB.\*.

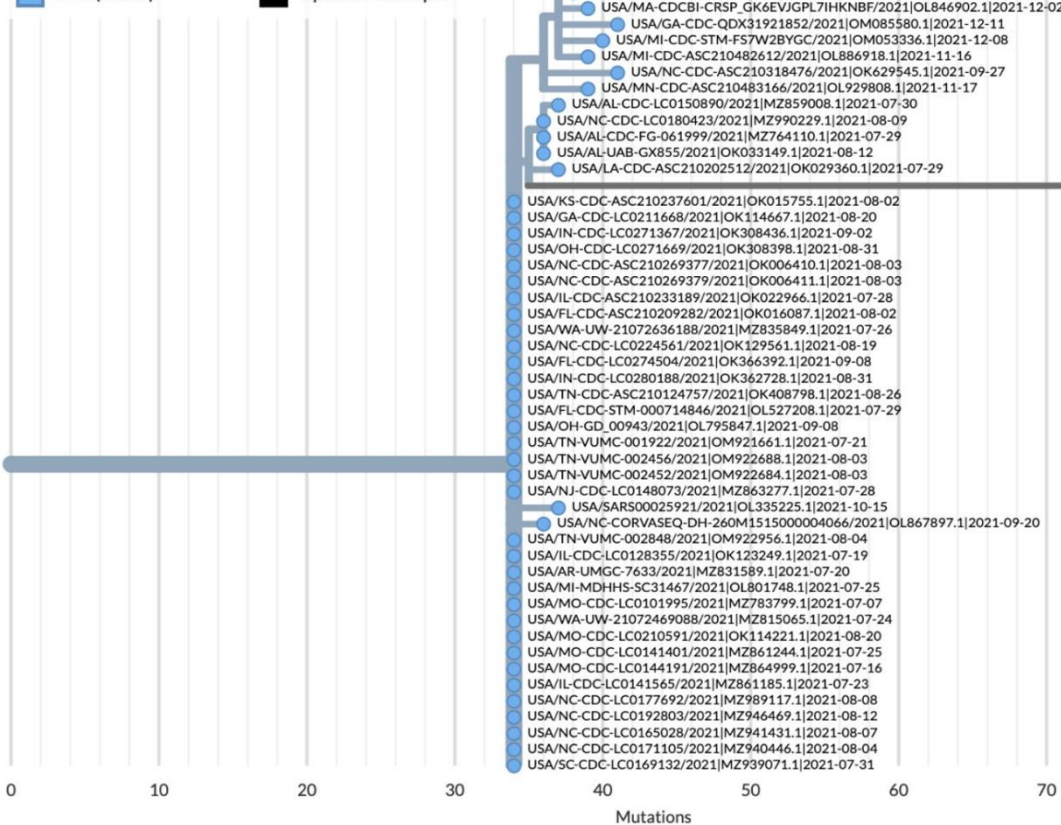
It is now showing growth in Australia (3%), possibly in South Korea and Austria.



## Phylogeny

Nextstrain Clade ^

21J (Delta) uploaded sample



- ปัจจุบันพบ 1 sequence บนฐานข้อมูล GISAID
- มีตำแหน่งกลายพันธุ์ที่เพิ่มจาก Delta เดิม ได้แก่ K417T, Y449R, N450D, G496V, Q498Y, N501T
- จัดเป็น Delta สายพันธุ์ย่อย AY.103



Marc Johnson @SolidEvide... · 14 ชม. ...

กำลังตอบกลับถึง @Catlove40476297

Delta (L452R/T478K) + K417T, Y449R, N450D, G496V, Q498Y, and N501T.

All changes that are pretty common in cryptic lineages.

2 16

Virus detail	
<b>Virus name:</b>	hCoV-19/USA/TX-HMH-MCoV-116919/2022
<b>Accession ID:</b>	EPI_ISL_15514302
<b>Type:</b>	betacoronavirus
<b>Clade:</b>	GK
<b>Pango Lineage:</b>	AY.103 (Pango v.4.1.3 PLEARN-v1.15.1), Delta (B.1.617.2-like) (Scorpio)
<b>AA Substitutions:</b>	Spike A243del, Spike D614G, Spike D950N, Spike E156G, Spike F157del, Spike G142D, Spike G496V, Spike H66R, Spike H146D, Spike K417T, Spike L244del, Spike L452R, Spike N149K, Spike N450D, Spike N501T, Spike P25T, Spike P681S, Spike Q23L, Spike Q498Y, Spike R158del, Spike S151N, Spike S746A, Spike T19R, Spike T478K, Spike T739V, Spike V143del, Spike Y144del, Spike Y145del, Spike Y449R, M I82T, M S4Y, N D63G, N D377Y, N G215C, N K388N, N R203K, N S232G, NS3 H182D, NS3 I10L, NS3 Q245K, NS3 S26L, NS3 T190I, NS7a F59I, NS7a T120I, NS7b T40I, NSP1 I114T, NSP1 V38A, NSP2 I514V, NSP2 N92S, NSP3 A488S, NSP3 D622E, NSP3 E576D, NSP3 K977Q, NSP3 N208del, NSP3 N1383H, NSP3 N1543K, NSP3 P1228L, NSP3 P1469S, NSP3 S209del, NSP3 V238L, NSP4 D38G, NSP4 F17L, NSP4 G196D, NSP4 I382T, NSP4 T492I, NSP4 V167L, NSP5 R298K, NSP5 T21I, NSP6 L37V, NSP6 T77A, NSP12 D40A, NSP12 G671S, NSP12 P323L, NSP13 I334V, NSP13 P77L, NSP14 A394V, NSP15 F263L
<b>Variant:</b>	VOC Delta GK (B.1.617.2+AY.*) first detected in India
<b>Passage details/history:</b>	Original
Sample information	
<b>Collection date:</b>	2022-10-04
<b>Location:</b>	North America / USA / Texas / Houston
<b>Host:</b>	Human



Marc Johnson @SolidEvidence

Pi is hiding in plain site.

Check out this Delta derivative (yes Delta) that was collected less than a month ago.

6 additional AA changes in the RBD alone.

It looks like a bad copy of Omicron. Changes at many of the same positions, but different AA changes.

10:36 PM · Oct 31, 2022 · Twitter Web App





# การจำแนกสายพันธุ์ที่เฝ้าระวัง

จำนวนผู้ติดเชื้อที่พบจำแนกตามสายพันธุ์สำคัญด้วยวิธี real-time RT-PCR (ราย)

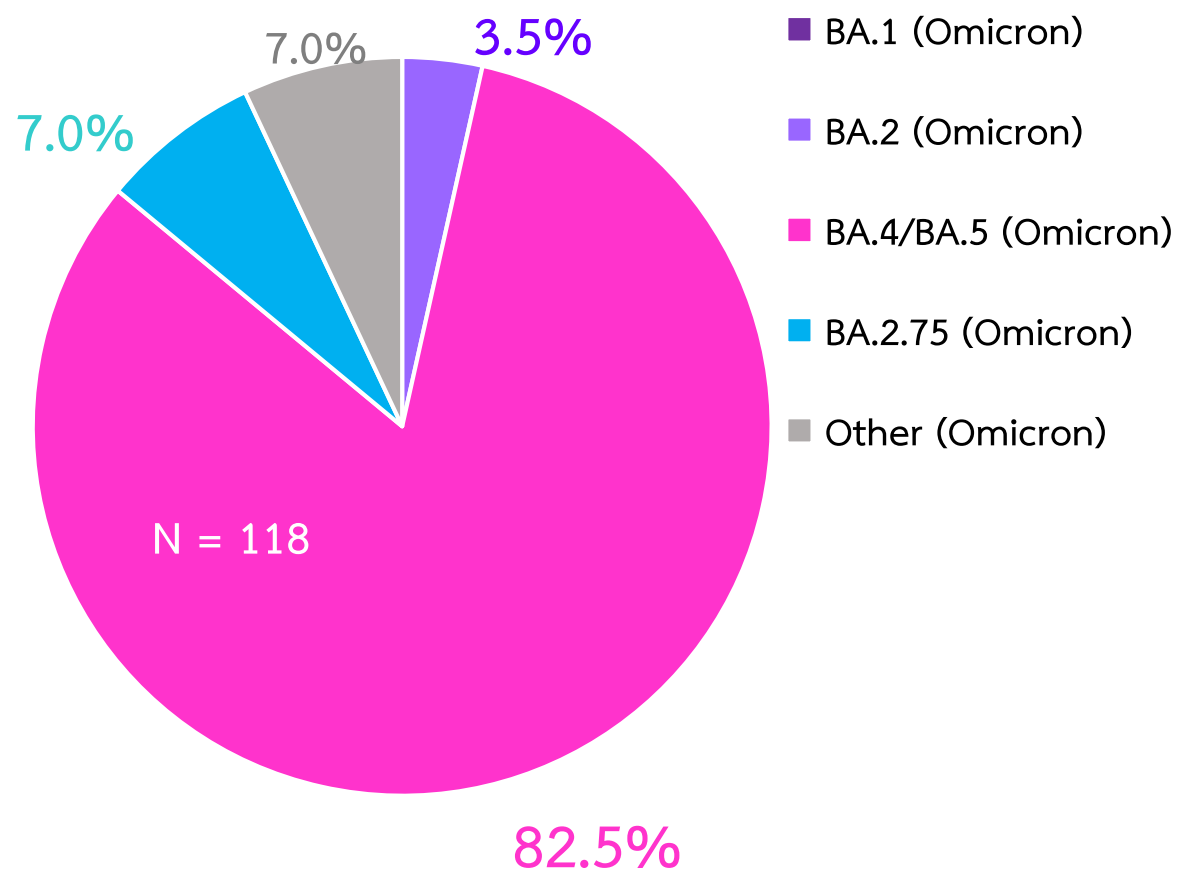
Health area	Potentially B.1.1.7 (Alpha)	Potentially B.1.617.2 (Delta)	Potentially B.1.351 (Beta)	Potentially BA.1 (Omicron)			Potentially BA.2 (Omicron)			Potentially BA.4/BA.5 (Omicron)			Potentially BA.2.75 (Omicron)			Potentially B.1.1.529 (Omicron)		
	30 เม.ย. 64 - 28 ต.ค. 65			5 ก.พ. - 21 ต.ค. 65	22 ต.ค. - 28 ต.ค. 65	Total	5 ก.พ. - 21 ต.ค. 65	22 ต.ค. - 28 ต.ค. 65	Total	14 พ.ค. - 21 ต.ค. 65	22 ต.ค. - 28 ต.ค. 65	Total	2 ก.ค. - 21 ต.ค. 65	22 ต.ค. - 28 ต.ค. 65	Total	1 พ.ย. 64 - 21 ต.ค. 65	22 ต.ค. - 28 ต.ค. 65	Total
	เขต 1	571	2438	0	422		422	1317	1	1318	564	23	587	2		2	716	
เขต 2	600	1109	0	164		164	631		631	157	14	171	2		2	401		401
เขต 3	797	1028	0	64		64	221		221	76	5	81	0		0	116		116
เขต 4	644	1639	0	180		180	759	2	761	274	7	281	0		0	475		475
เขต 5	198	887	0	187		187	549	1	550	207	1	208	0		0	445		445
เขต 6	1942	7031	3	782		782	2297		2297	549	9	558	0		0	2664		2664
เขต 7	727	1771	0	642		642	1323		1323	321	6	327	0		0	1905		1905
เขต 8	586	2902	5	173		173	578		578	207	3	210	0		0	1311		1311
เขต 9	158	418	0	60		60	379		379	161		161	0		0	329		329
เขต 10	80	265	0	68		68	346		346	89	9	98	1	4	5	106		106
เขต 11	403	942	52	646		646	1310		1310	166	13	179	0		0	2413		2413
เขต 12	2943	4725	630	211		211	967	1	968	218	4	222	0	5	5	950	10	960
เขต 13 (กทม.)	4960	13649	4	1687		1687	8482		8482	2575	24	2599	16	1	17	6544		6544
รวม	14,609	38,804	694	5,286	0	5,286	19,159	5	19,164	5,564	118	5,682	21	10	31	18,375	10	18,385
	14.23%	37.80%	0.68%		0.00%	5.15%		3.50%	18.67%		82.52%	5.54%		6.99%	0.03%		6.99%	17.91%

หมายเหตุ : ข้อมูลของกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์เฝ้าระวังตรวจสายพันธุ์ตั้งแต่วันที่ 30 เม.ย. 64 - 28 ต.ค. 2565

# สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย Omicron จาก SNP/Deletion : ระหว่างวันที่ 22 ต.ค. – 28 ต.ค. 65

วัตถุประสงค์การตรวจ	Omicron lineage				
	SNP/Deletion (Potentially)				
	BA.2	BA.4/BA.5	BA.2.75	Other Omicron	Total
กลุ่มผู้เดินทางเข้าราชอาณาจักร (SQ, AQ ,Sandbox, Test and Go)	0	7	0	0	7
กลุ่มอื่นๆ ภายในประเทศ	5	111	10	10	136
<b>รวมทั้งหมด</b>	<b>5</b>	<b>118</b>	<b>10</b>	<b>10</b>	<b>143</b>

# สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย Omicron จาก SNP/Deletion : ระหว่างวันที่ 22 ต.ค. – 28 ต.ค. 65

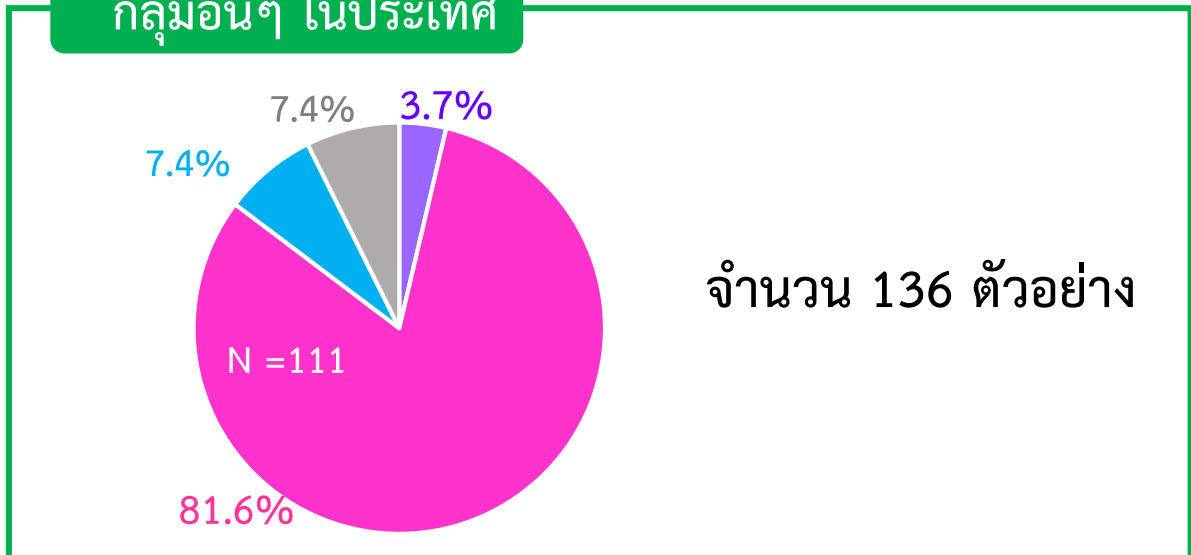


ตัวอย่าง Potentially Omicron ที่แยกสายพันธุ์ย่อยได้ จำนวน 133 ตัวอย่าง จาก 143 ตัวอย่าง

## กลุ่มผู้เดินทางจากต่างประเทศ



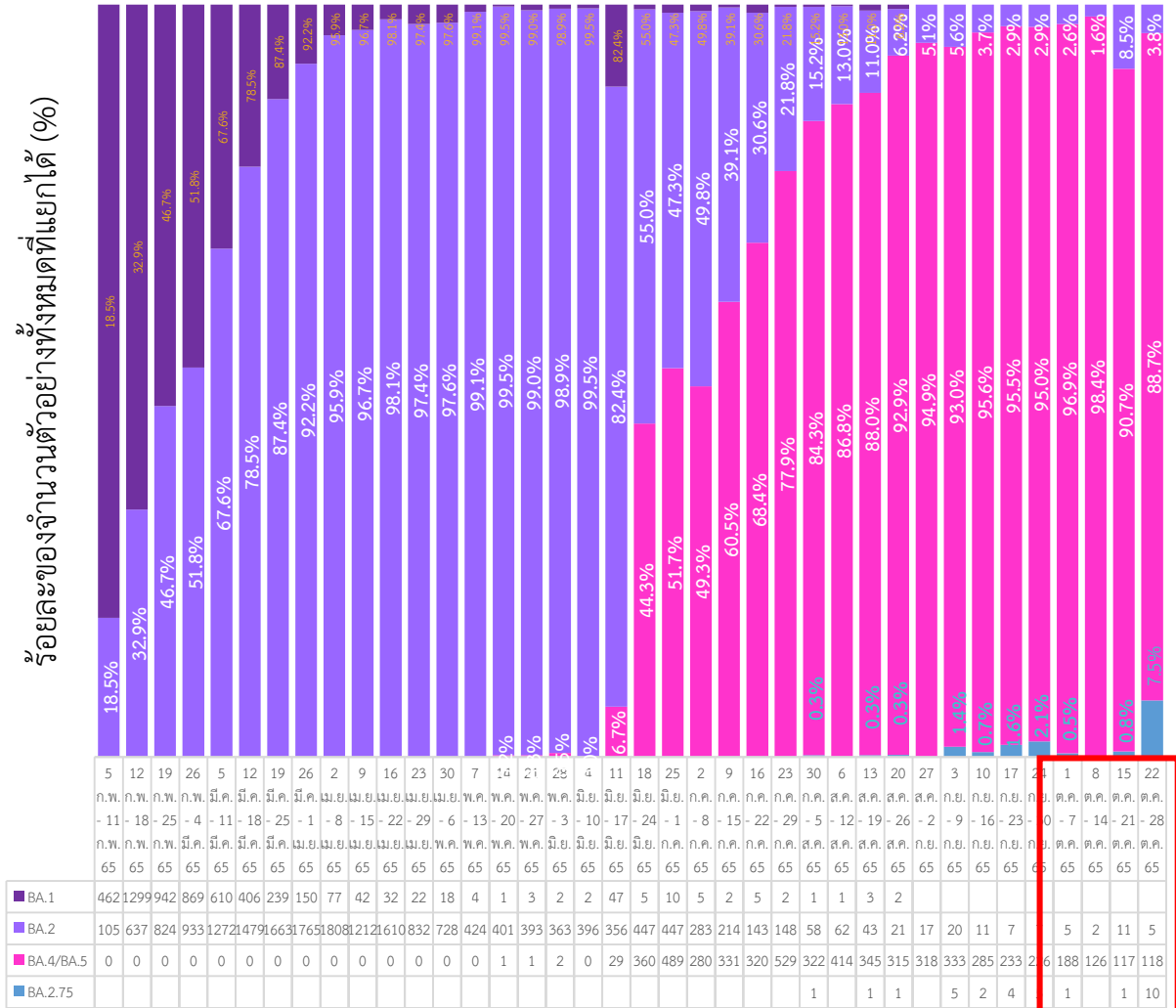
## กลุ่มอื่นๆ ในประเทศ



# สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย Omicron จาก SNP/Deletion : ตั้งแต่ กุมภาพันธ์ 2565

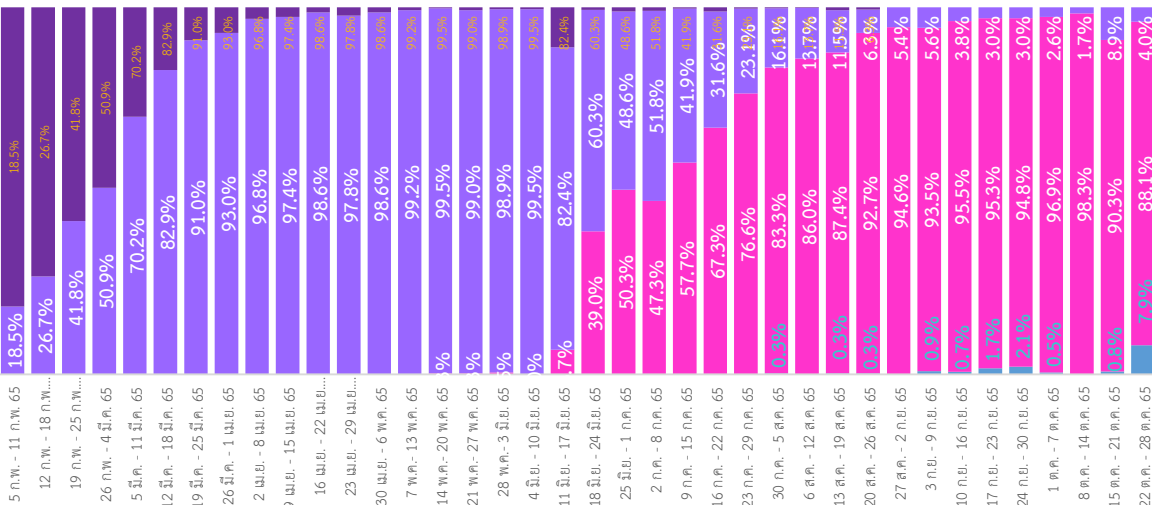
## รวมทุกกลุ่ม

ร้อยละของจำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่แยกได้ (%)



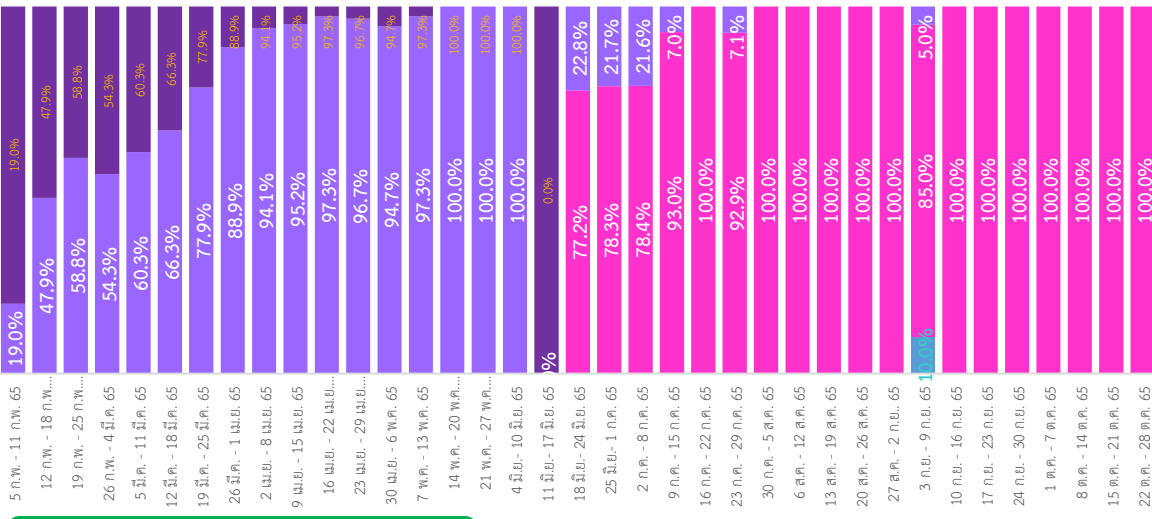
ร้อยละของจำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่แยกได้ (%)

## กลุ่มอื่นๆ ในประเทศ



ร้อยละของจำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่แยกได้ (%)

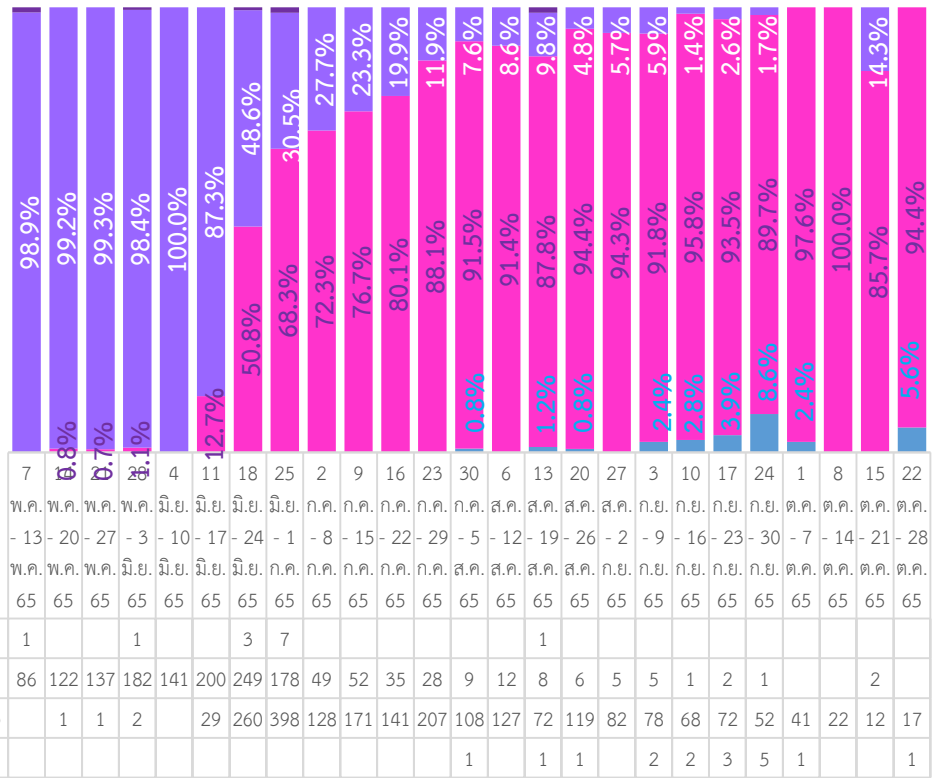
## กลุ่มผู้เดินทางจากต่างประเทศ



# สัดส่วนสายพันธุ์ย่อย Omicron จาก SNP/Deletion : แบ่งตามพื้นที่ของประเทศ ตั้งแต่ พฤษภาคม 2565 (เริ่มพบการระบาดของสายพันธุ์ BA.4/BA.5)

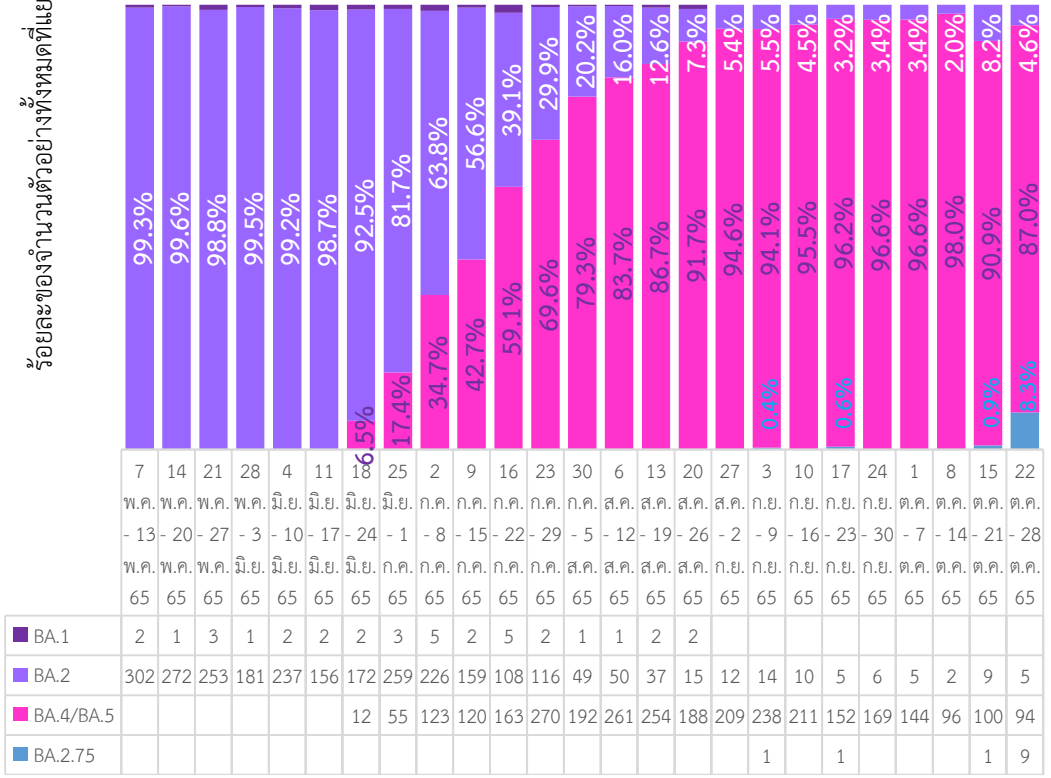
ร้อยละของจำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่แยกได้ (%)

## กรุงเทพมหานคร



ร้อยละของจำนวนตัวอย่างทั้งหมดที่แยกได้ (%)

## ภูมิภาค





# จำนวนสายพันธุ์ย่อย Omicron ที่น่าสนใจ และ WHO ระบุให้เฝ้าติดตาม (Monitor) : ในประเทศไทย สะสมจนถึง 28 ตุลาคม 2565



ข้อมูล ณ วันที่ 28 ตุลาคม 2565

วิธีการตรวจ	สายพันธุ์	จำนวนที่แสดง ใน GISAID	จำนวน ที่เครือข่ายห้องปฏิบัติการในประเทศตรวจพบ อยู่ระหว่างรอเผยแพร่บนฐานข้อมูล GISAID	รวม
WGS	BF.5	6	0	6
	BF.7	2	0	2
	BF.14	0	0	0
	BQ.1	1	1	2
	BE.1	5	0	5
	BE.1.1	2	0	2
	BJ.1	0	0	0
	BN.1	5	4	9
	BA.4.6	2	1	3
	XBB.X	2	3	5
	BA.2.3.20	0	2	2

# Emerging variant ที่พบเพิ่มในประเทศไทย (ข้อมูล ณ วันที่ 31 ตุลาคม 2565)

## BA.4.6

- ชายไทย อายุ 59 ปี
- อาการ : หายใจเหนื่อย มีเสมหะ
- ผู้ป่วยติดเตียง
- ครบกักตัวอาการสบายดี
- วันที่เก็บตัวอย่าง : 24 กันยายน 2565

- พบเป็นรายที่สามในประเทศไทย (เดือนกรกฎาคม 2565 ประเทศไทยเผยแพร่ข้อมูลจำนวน 2 รายบนฐานข้อมูล GISAID ขณะนั้นยังไม่ระบุเป็นสายพันธุ์ BA.4.6)
- ทั่วโลกพบรายงานจำนวน 42,421 sequences

## BA.2.3.20

- ชายสัญชาติจีน อายุ 49 ปี
- อาการ : ไข้ ไอ เจ็บคอ 2-3 วันก่อนมารพ.
- ผู้ป่วยให้ประวัติอาศัยอยู่ในประเทศไทย
- ครบกักตัวอาการสบายดี
- วันที่เก็บตัวอย่าง : 26 กันยายน 2565

## BA.2.3.20

- เด็กหญิงไทย อายุ 10 ปี
- อาศัยอยู่ในประเทศไทย
- ครบกักตัวอาการสบายดี
- วันที่เก็บตัวอย่าง : 9 กันยายน 2565

- พบรายงานครั้งแรกในประเทศไทย
- ทั่วโลกพบรายงานจำนวน 1,048 sequences

## BQ.1

- ชายไทย อายุ - ปี
- เดินทางกลับจากต่างประเทศ (อิตาลี)
- ครบกักตัวอาการสบายดี
- วันที่เก็บตัวอย่าง : 21 กันยายน 2565

- พบเป็นรายที่ 2 ในประเทศไทย
- ทั่วโลกพบรายงานจำนวน 5,174 sequences

# Emerging variant ที่พบเพิ่มในประเทศไทย (ข้อมูล ณ วันที่ 31 ตุลาคม 2565)

## XBB.1

- หญิงชาวสิงคโปร์ อายุ 76 ปี
- อาการสำคัญ : ไข้ เจ็บคอ ATK + 1 วันก่อนมาโรงพยาบาล
- Chest X-ray : No pulmonary opacity
- ครบกักตัวอาการสบายดี
- วันที่เก็บตัวอย่าง : 8 ตุลาคม 2565

## XBB.1

- หญิงไทย อายุ 44 ปี
- อาการสำคัญ : ไข้ หนาวสั่น ปวดตัว เจ็บคอ
- เดินทางกลับจากต่างประเทศ (โปรตุเกส)
- ครบกักตัวอาการสบายดี
- วันที่เก็บตัวอย่าง : 28 กันยายน 2565

## XBB

- เด็กหญิงไทย อายุ 10 ปี
- อาศัยอยู่ในประเทศไทย
- เดินทางไปในสถานที่ที่มีคนหนาแน่นก่อนป่วย 2 วัน
- ครบกักตัวอาการสบายดี
- วันที่เก็บตัวอย่าง : 11 ตุลาคม 2565

## XBB

- ทั่วโลกพบรายงานจำนวน  
1,007 sequences

## XBB.1

- ทั่วโลกพบรายงานจำนวน  
772 sequences

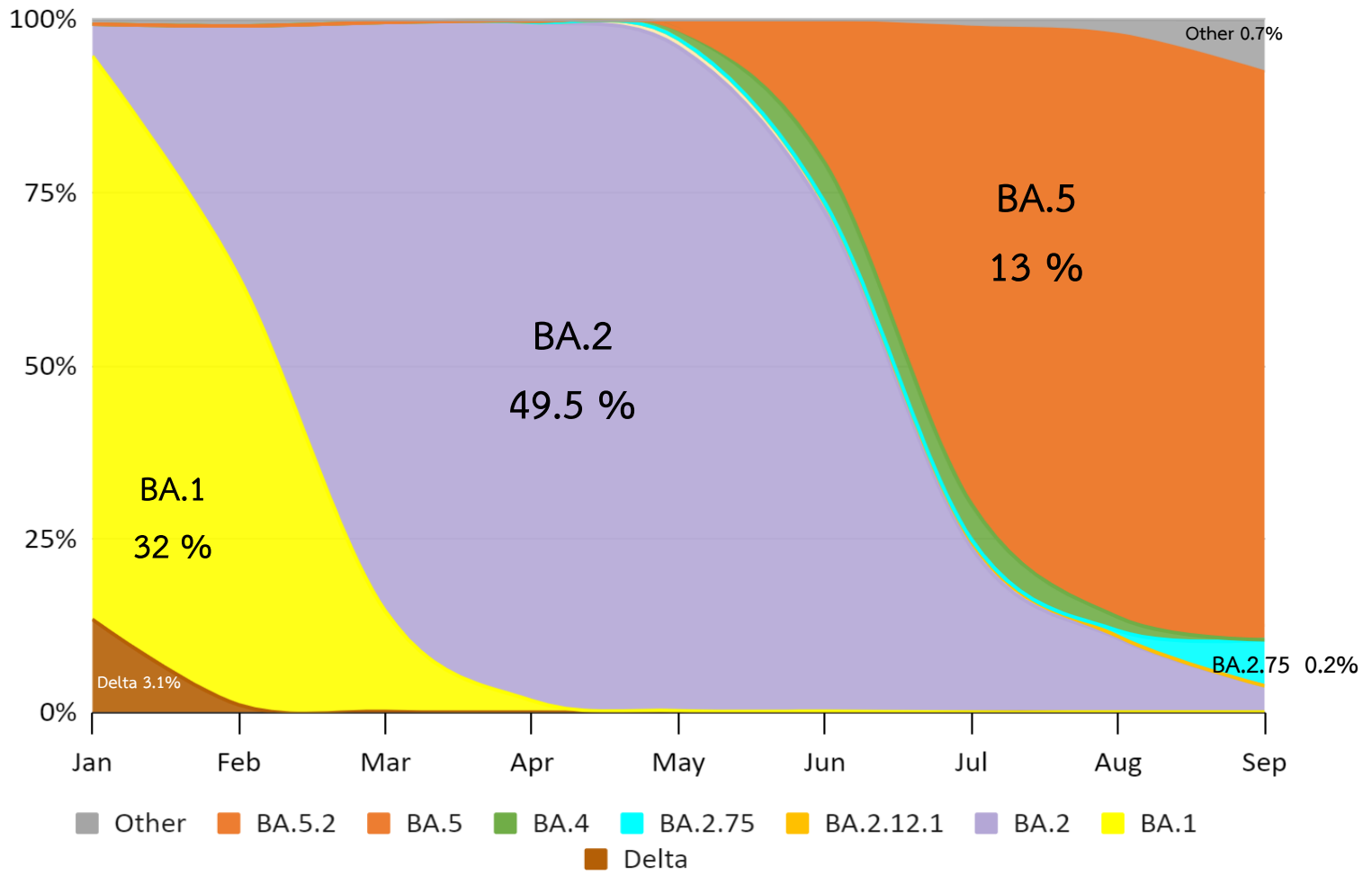




# สถานการณ์ SARS-CoV-2 VOI และ VOC ในประเทศไทย

ที่มา : ฐานข้อมูล GISAID และ ข้อมูลใหม่จากการถอดรหัสพันธุกรรมรายสัปดาห์ (อยู่ระหว่างรอเผยแพร่บนฐานข้อมูล GISAID) ข้อมูล ณ วันที่ 28 ตุลาคม 2565

Lineage	Sequences from Thailand	
	GISAID	Newly
BA.1.X	4714	2
BA.2.X	7418	73
BA.3.X	0	0
BA.4.X	201	1
BA.5.X	2298	244
Unassigned	68	0
Other	498	0
<b>Omicron subvariants under monitoring</b>		
BA.5 (+ 5 mutation)	832	0
BA.2.75.X	26	38
BA.4.6.X	2	1
BJ.1 (BA.2 subvariant)	0	0
XBB.X	2	3
BA.2.3.20.X	0	2
BQ.1.X (BA.5 subvariant)	0	1



ขอบคุณครับ



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์  
DEPARTMENT OF MEDICAL SCIENCES