



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
Department of Medical Sciences



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
DEPARTMENT OF MEDICAL SCIENCES

ข้อมูลการจำแนกตามสายพันธุ์ที่เฝ้าระวัง และการกลายพันธุ์ของเชื้อ

โดย นายแพทย์ศุภกิจ ศิริลักษณ์
อธิบดีกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์

18 เมษายน 2566



SARS-CoV-2 variants of interest and variants under monitoring

สายพันธุ์ที่องค์การอนามัยโลกติดตามใกล้ชิดในปัจจุบัน

VOI 1 สายพันธุ์ ได้แก่ XBB.1.5

VUM 7 สายพันธุ์ ได้แก่
BQ.1*, BA.2.75*, CH.1.1*,
XBB*, XBB.1.16*, XBB.1.9.1*
และ XBF*

▶ องค์การอนามัยโลก จัดแบ่ง Omicron สายพันธุ์ย่อยต่างๆ เป็น VUMs, VOIs หรือ VOCs (จากเดิมที่กำหนด Omicron เป็น VOC ทั้งหมด)

<https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>
20230413 Weekly Epi Update 138.pdf

สถานการณ์สายพันธุ์ทั่วโลก

- สัปดาห์ที่ 12 (20 - 26 มีนาคม 2566)
 - XBB.1.5 (VOI) : มีรายงานการตรวจพบจาก 95 ประเทศ ซึ่งปัจจุบันมีสัดส่วนสูงที่สุด คิดเป็น 47.9% และเพิ่มขึ้นต่อเนื่อง
 - XBB*, XBB.1.16*, XBB.1.9.1* (VUM) : มีแนวโน้มเพิ่มขึ้น โดยพบสัดส่วน 17.6%, 7.6% และ 4.0% ตามลำดับ ในขณะที่ VUM อื่นๆมีแนวโน้มลดลง
- ปัจจุบัน ยังไม่มีรายงานเกี่ยวกับความรุนแรงในการก่อโรคที่เพิ่มขึ้นของทั้ง VOI และ VUM
- ข้อมูลจากห้องปฏิบัติการแสดงให้เห็นว่า XBB.1.16 มีอัตราการเติบโตที่เพิ่มขึ้นเมื่อเทียบกับ XBB และ XBB.1.5 ตามลำดับ แต่คุณสมบัติด้านการหลบภูมิคุ้มกันยังคงเหมือนกัน

Table 2. Weekly prevalence of SARS-CoV-2 VOIs and VUMs, week 8 to week 12 of 2023

Lineage	Countries	Sequences	2023-08	2023-09	2023-10	2023-11	2023-12
XBB.1.5* (VOI)	95	154 278	43.50	46.01	47.02	47.03	47.91
BA.2.75*	121	105 680	5.91	5.18	4.98	4.78	1.95
CH.1.1*	88	40 873	6.69	6.43	5.70	5.49	5.17
BQ.1*	142	411 323	15.01	11.21	9.21	7.56	5.11
XBB*	122	80 144	6.69	8.39	11.64	14.33	17.64
XBB.1.9.1*	61	10 432	3.01	4.29	5.28	6.15	7.59
XBF*	49	8 852	1.24	1.09	1.23	0.97	0.83
Unassigned	98	292 966	8.78	10.57	9.03	9.45	10.40
Other [†]	207	6 692 332	1.08	1.09	1.06	1.04	1.67
XBB.1.16 [§]	29	2222	0.21	0.53	1.21	1.92	3.96

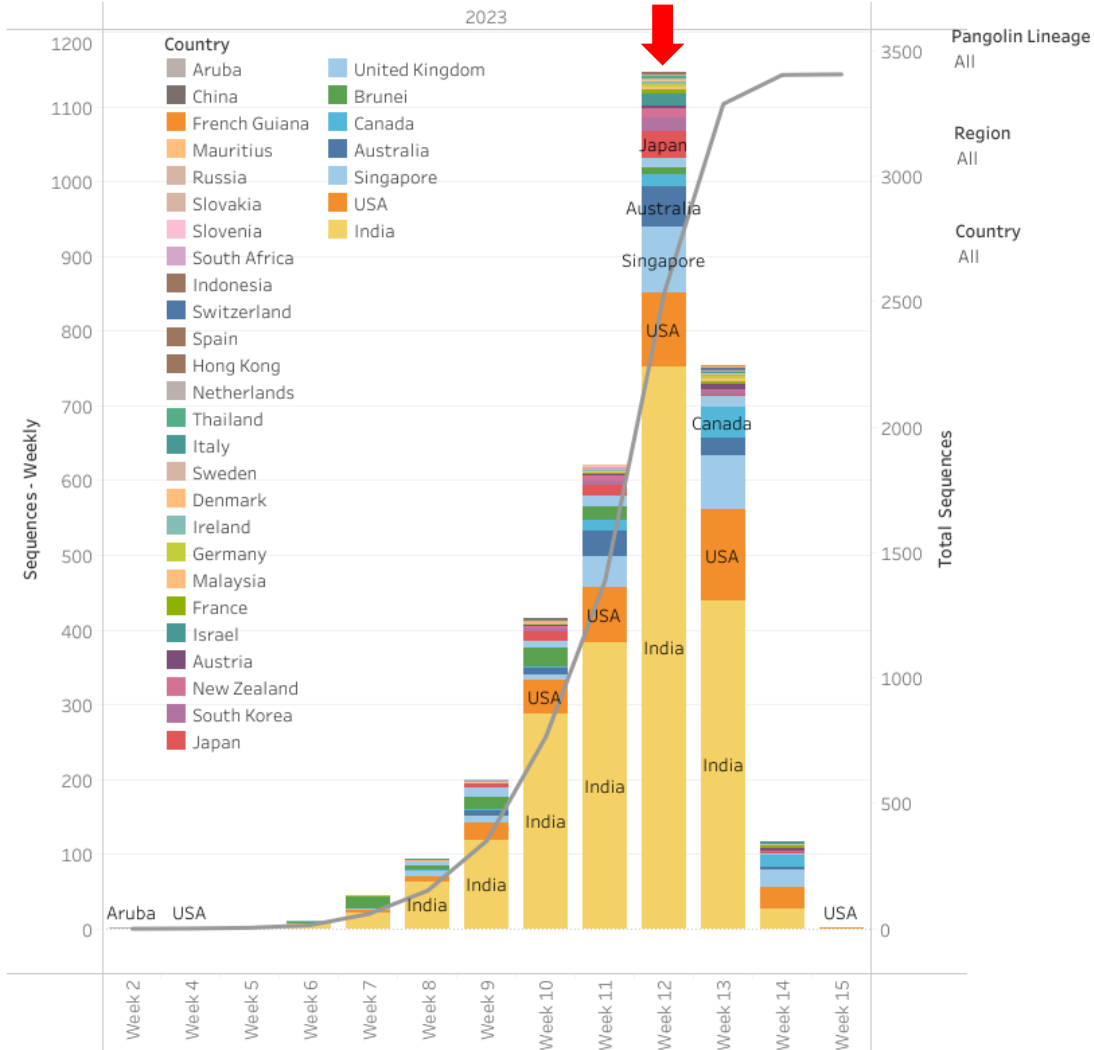
* includes descendant lineages except those individually specified elsewhere.

[§] The prevalence of XBB.1.16 was extracted from GISAID on 11 April 2023 using the nucleotides T12730A, T28297C, A28447G.

[†] Others are other circulating lineages excluding the VOI, VUMs, BA.1*, BA.2*, BA.3*, BA.4*, BA.5*.

สถานการณ์สายพันธุ์ XBB.1.16 ทั่วโลก

Tracking SARS-CoV2 Lineage XBB.1.16* over time (Nickname: [Arcturus](#))



- รายงานครั้งแรกจากประเทศอินเดียเมื่อเดือนมกราคม 2566
- องค์การอนามัยโลกจัด XBB.1.16 เป็น VUM เมื่อปลายเดือนมีนาคม 2566
- XBB.1.16* : พบมากที่สุดในประเทศอินเดีย รองมาคือสหรัฐอเมริกา โดยพบการระบาดมากในช่วงสัปดาห์ที่ 12 ของปี 2566 (20-26 มี.ค. 66)
- XBB.1.16 เป็นสายพันธุ์ลูกผสมจาก BA.2.10.1 และ BA.2.75 มีการกลายพันธุ์เพิ่มเติมบนโปรตีนหนาม ได้แก่ E180V, F486P และ K478R
- มีความได้เปรียบในการแพร่เชื้อ เมื่อเทียบกับ XBB.1 และ XBB.1.5
- มีความสามารถในการหลบภูมิคุ้มกันเทียบได้กับ XBB.1 และ XBB.1.5
- ยังไม่มีหลักฐานแสดงว่า XBB.1.16 ส่งผลต่อความรุนแรงของโรค
- มีข้อสังเกตจากผู้เชี่ยวชาญพบผู้ติดเชื้อสายพันธุ์ XBB.1.16 มีลักษณะอาการทางคลินิกของโรคเยื่อตาอักเสบ คันตา มีขี้ตา ร่วมด้วย อย่างไรก็ตาม ยังไม่มีข้อมูลชี้ชัดว่าอาการดังกล่าวเป็นลักษณะจำเพาะที่เกิดจากสายพันธุ์ XBB.1.16

Tracking XBB.1.16* Lineages with signature mutations: **Spike: E180V, K478R, S486P ORF9b: I5T; XBB.1.16.1: Spike: T547I** | Source: GISAID updated 4/16/2023 4:44:22 AM | NYITCOM Research Report | Epi Weeks are based on Specimen Collection Dates | Note: Week 1 peak = Sequences with date errors (ie., only year available)

Reference : <https://public.tableau.com/>
Update 4/16/2023

- พบรายงานครั้งแรกจากประเทศอินเดียเมื่อเดือนมกราคม 2566 องค์การอนามัยโลกจัดให้ XBB.1.16 เป็น variant under monitoring เมื่อวันที่ 30 มีนาคม 2566
- XBB.1.16 เป็นสายพันธุ์ลูกผสมจาก BA.2.10.1 และ BA.2.75 มีการกลายพันธุ์เพิ่มเติมบนโปรตีนหนาม ได้แก่ E180V, F486P และ K478R (กรณี delta จะเป็น T478K)
- การกลายพันธุ์ที่ตำแหน่ง 478 บนโปรตีนหนามของเชื้อ SARS-CoV-2 เกี่ยวข้องกับการลดลงของ neutralizing antibody ความสามารถในการแพร่เชื้อที่เพิ่มขึ้น และความสามารถในการก่อโรค
- มีความได้เปรียบในการแพร่เชื้อ เมื่อเทียบกับ XBB.1 และ XBB.1.5 ทั้งนี้ผู้เชี่ยวชาญเชื่อว่าจะมีความเป็นไปได้ที่ XBB.1.16 จะกระจายไปทั่วโลกอย่างรวดเร็ว
- ยังไม่มีหลักฐานแสดงว่า XBB.1.16 ส่งผลต่อความรุนแรงของโรค

XBB.1.16.1

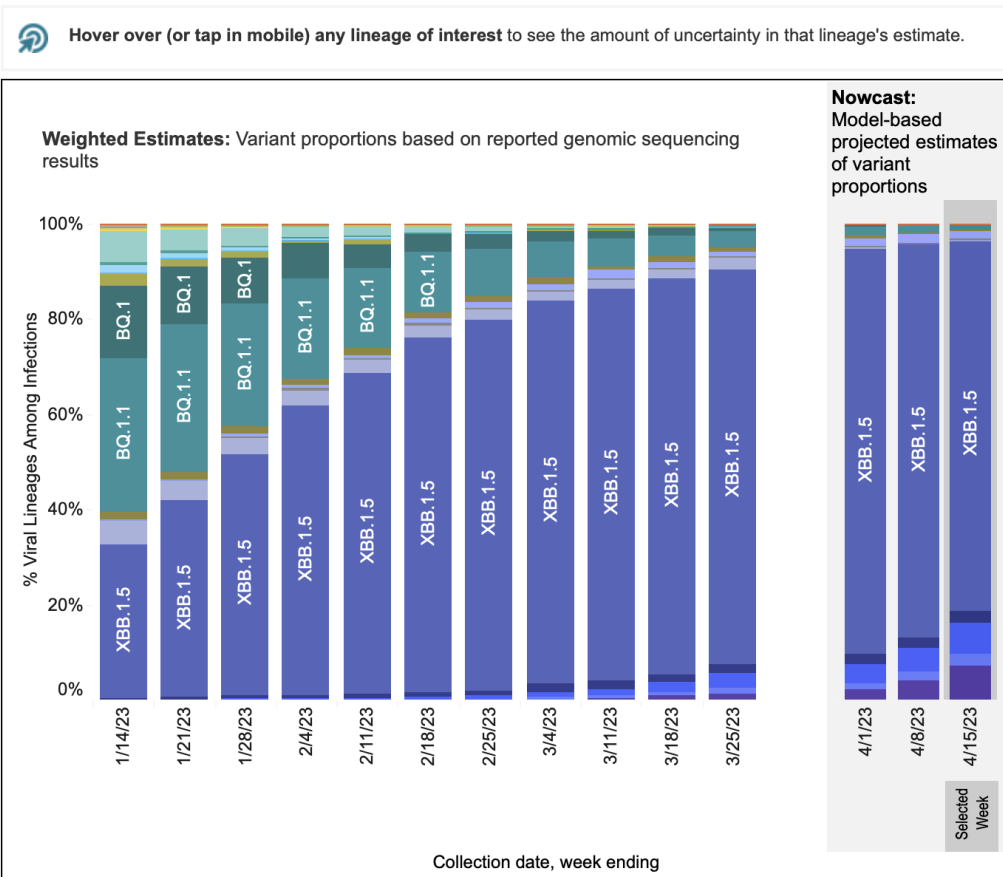
- XBB.1.16 + T547I
- กรณีที่พบตำแหน่งกลายพันธุ์เพิ่มเติมในกลุ่มของ XBB.1.16 ก็มีความเป็นไปได้ในการตั้งชื่อสายพันธุ์ย่อยเป็น XBB.1.16.2, XBB.1.16.3 เป็นต้น
- การเกิดสายพันธุ์ย่อยนี้ เป็นธรรมชาติของไวรัส



สถานการณ์สายพันธุ์ XBB.1.16 ในสหรัฐอเมริกา

Weighted and Nowcast Estimates in United States for Weeks of 1/8/2023 – 4/15/2023

Nowcast Estimates in United States for 4/9/2023 – 4/15/2023



USA				
WHO label	Lineage #	US Class	%Total	95%PI
Omicron	XBB.1.5	VOC	78.0%	73.6-81.8%
	XBB.1.16	VOC	7.2%	4.5-11.3%
	XBB.1.9.1	VOC	6.5%	4.8-8.8%
	XBB.1.9.2	VOC	2.5%	1.5-4.1%
	XBB.1.5.1	VOC	2.4%	1.8-3.1%
	FD.2	VOC	1.7%	0.9-3.2%
	BQ.1.1	VOC	1.0%	0.6-1.5%
	CH.1.1	VOC	0.3%	0.2-0.5%
	XBB	VOC	0.3%	0.2-0.3%
	BQ.1	VOC	0.1%	0.1-0.2%
	BN.1	VOC	0.0%	0.0-0.0%
	BA.5	VOC	0.0%	0.0-0.0%
	BA.2.75	VOC	0.0%	0.0-0.0%
	BF.7	VOC	0.0%	0.0-0.0%
	BA.2	VOC	0.0%	0.0-0.0%
	BA.1.1	VOC	0.0%	0.0-0.0%
	BA.5.2.6	VOC	0.0%	0.0-0.0%
	BF.11	VOC	0.0%	0.0-0.0%
	B.1.1.529	VOC	0.0%	0.0-0.0%
	BA.4.6	VOC	0.0%	0.0-0.0%
Other	Other*		0.1%	0.0-0.1%

พบอุบัติการณ์สูงขึ้น
เป็นเท่าตัวจากสัปดาห์
ก่อน โดยเพิ่มจาก
3.9% เป็น 7.2%

* 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.

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, XBB and their sublineages, BA.2 sublineages are aggregated with BA.2. Except BA.2.75.2, CH.1.1 and BN.1, BA.2.75 sublineages are aggregated with BA.2.75. Except BA.4.6, sublineages of BA.4 are aggregated to BA.4. Except BF.7, BF.11, BA.5.2.6, BQ.1 and BQ.1.1, sublineages of BA.5 are aggregated to BA.5. Except the lineages shown and their sublineages, sublineages of XBB are aggregated to XBB. Except XBB.1.5.1 and FD.2, sublineages of XBB.1.5 are aggregated to XBB.1.5. For all the other lineages listed, their sublineages are aggregated to the listed parental lineages respectively. Previously, XBB.1.9.2 and XBB.1.16 were aggregated to XBB; FD.2 was aggregated to XBB.1.5. Lineages BA.2.75.2, XBB, XBB.1.5, XBB.1.5.1, FD.2, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2, XBB.1.16, BN.1, BA.4.6, BF.7, BF.11, BA.5.2.6 and BQ.1.1 cont..

XBB.1.5 vs XBB.1.16

	XBB.1.5	XBB.1.16
ตำแหน่งการกลายพันธุ์บนโปรตีนหนาม	F486P	F486P, E180V และ K478R
ลูกผสมของสายพันธุ์โอไมครอน	BJ.1 และ BM.1.1.1	BA.2.10.1 และ BA.2.75
ความสามารถในการแพร่กระจาย	แพร่ได้เร็ว	อาจแพร่เร็วกว่า XBB.1.5
ความสามารถในการหลบภูมิคุ้มกัน	มีความสามารถในการหลบภูมิคุ้มกันได้ดี	มีความสามารถในการหลบภูมิคุ้มกันได้ดี เทียบ ได้กับ XBB.1.5
ความรุนแรง	ยังไม่มีหลักฐานแสดงว่าส่งผลต่อความรุนแรงของโรค	ยังไม่มีหลักฐานแสดงว่าส่งผลต่อความรุนแรงของโรค
อาการที่พบ	อาการระบบทางเดินหายใจ ไข้ ไอ เจ็บคอ น้ำมูก	อาการระบบทางเดินหายใจ ไข้ ไอ เจ็บคอ น้ำมูก ข้อสังเกต : พบผู้ป่วยที่มีอาการเยื่อตาอักเสบ คันตา ชีตาเหนียว ลืมเปลือกตาไม่ขึ้น ร่วมด้วย
จำนวนข้อมูล seq ของประเทศไทย เผยแพร่ผ่านฐานข้อมูล GISAID	43	10

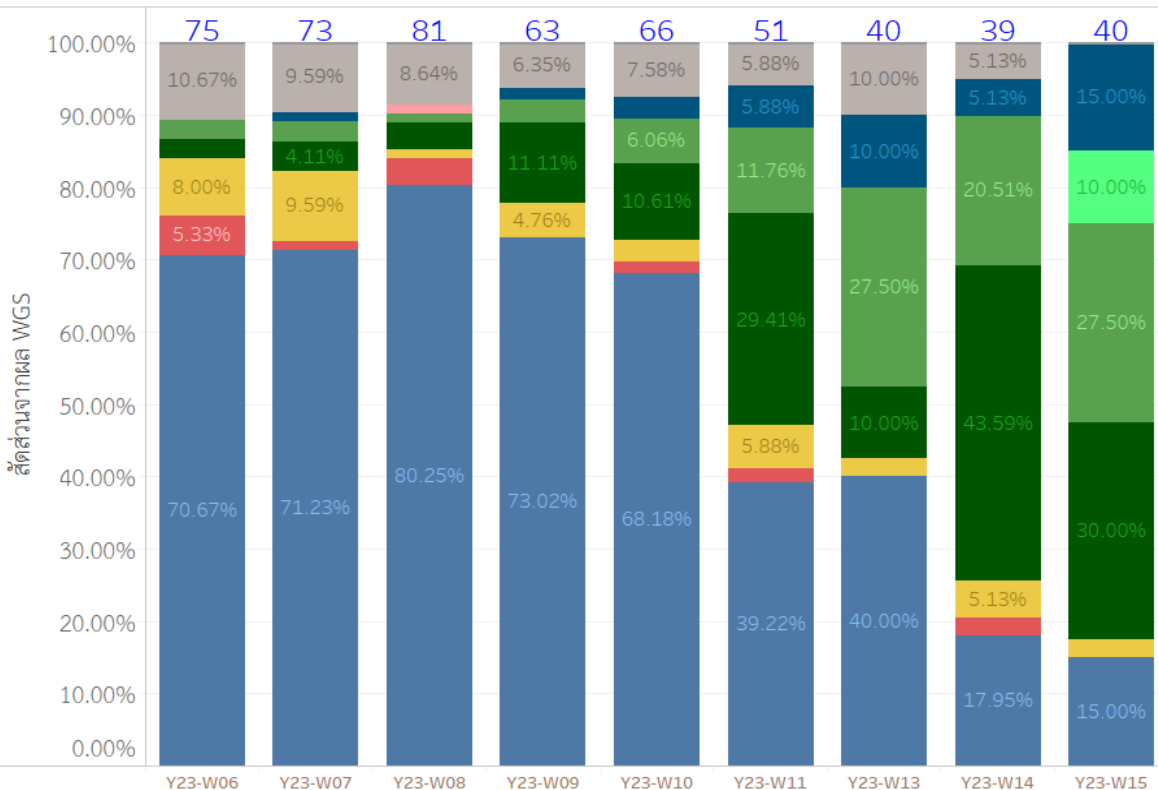
สถานการณ์สายพันธุ์ในประเทศไทย สัปดาห์ที่ 8-14 เมษายน 2566

ข้อมูลเฝ้าระวังจากกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์

- XBB.1.5 (VOI) : พบมากเป็นลำดับที่ 2 โดยพบสัดส่วน 27.5%

สัดส่วนสายพันธุ์ที่เฝ้าระวังจากผล WGS จำแนกตาม WHO:VOI/VUM ตั้งแต่เดือนมกราคม 2566

จำนวนการตรวจ



WHO: VOI/VUM

week	linegae	% of Total	จำนวนตัว..
Y23-W15	XBB.1.5	22.50%	9
	XBB.1.9.1	15.00%	6
	XBB.1.9.2	10.00%	4
	XBB.2.3	10.00%	4
	XBB.1.16	7.50%	3
	BN.1.3.2	5.00%	2
	XBB.2.4	5.00%	2
	BN.1.10	2.50%	1
	BN.1.2	2.50%	1
	BN.1.3	2.50%	1
	BN.1.3.8	2.50%	1
	CH.1.1.1	2.50%	1
	XBB	2.50%	1
	XBB.1.16.1	2.50%	1
	XBB.1.17.1	2.50%	1
	XBB.1.5.13	2.50%	1
	XBB.1.5.25	2.50%	1

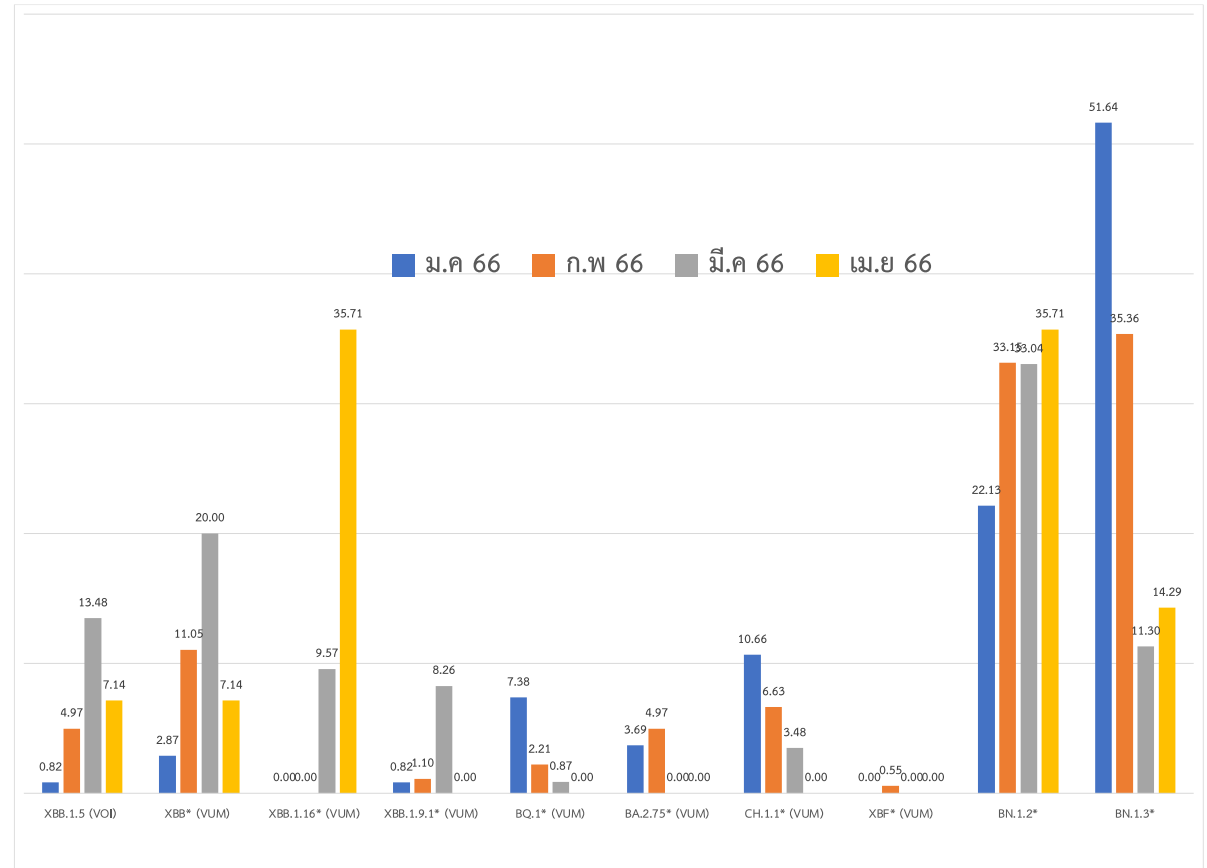
- XBB* (VUM) : มีสัดส่วนลดลง แต่ยังเป็นสายพันธุ์ที่พบมากเป็นลำดับที่ 1 ในประเทศ
- XBB.1.16* (VUM) : พบเพิ่มจากเดิมจำนวน 4 ราย
- XBB.1.9.1* (VUM) : มีสัดส่วนเพิ่มขึ้นจาก 5.1% เป็น 15%

สถานการณ์สายพันธุ์ในประเทศไทย

จำนวนสายพันธุ์ที่องค์การอนามัยโลกติดตาม มกราคม - เมษายน 2566

สายพันธุ์	จำนวนข้อมูล seq จำแนกตามวันที่เก็บตัวอย่าง				
	2565	ม.ค 66	ก.พ 66	มี.ค 66	เม.ย 66
XBB.1.5 (VOI)	0	2	9	31	1
XBB* (VUM)	80	7	20	46	1
XBB.1.16* (VUM)	0	0	0	22	5
XBB.1.9.1* (VUM)	0	2	2	19	0
BQ.1* (VUM)	76	18	4	2	0
BA.2.75* (VUM)	166	9	9	0	0
CH.1.1* (VUM)	199	26	12	8	0
XBF* (VUM)	0	0	1	0	0
BN.1.2*	663	54	60	76	5
BN.1.3*	1348	126	64	26	2
รวม	2532	244	181	218	14

ร้อยละของสายพันธุ์ที่องค์การอนามัยโลกติดตาม มกราคม - เมษายน 2566



- XBB.1.5* และ XBB.1.9.1* ยังคงเพิ่มขึ้นอย่างต่อเนื่อง
- XBB.1.16* พบในตัวอย่างจากผู้ติดเชื้อช่วงเดือนมีนาคม 2566 จำนวน 22 ราย และเดือนเมษายน 2566 จำนวน 5 ราย (XBB.1.16 = 26 ราย และ XBB.1.16.1 = 1 ราย)
- BN.1.3* มีแนวโน้มลดลง

Real-time PCR และ ATK กับการตรวจจับสายพันธุ์ลูกผสม

- ชุดตรวจหลักการ Real-time PCR และ ชุดทดสอบแอนติเจน (Antigen Test Kit: ATK) สามารถใช้ตรวจคัดกรองการติดเชื้อไวรัสก่อโรคโควิด 19 ครอบคลุมทุกสายพันธุ์ ซึ่งรวมถึง สายพันธุ์โอมิครอน และสายพันธุ์ลูกผสม เพื่อค้นหาผู้ป่วย ช่วยในการวินิจฉัยและแยกตัวผู้ติดเชื้อได้อย่างรวดเร็ว
- การทำงานของ ATK อาศัยหลักการทดสอบทางภูมิคุ้มกัน (Immunoassay) ซึ่งเป็นหลักการที่อาศัยการจับกันระหว่างแอนติเจน (antigen) และแอนติบอดี (antibody) โดยส่วนใหญ่ออกแบบให้ตรวจจับโปรตีน N ซึ่งการกลายพันธุ์บนโปรตีนหนามไม่ส่งผลกระทบต่อ

- สายพันธุ์ที่องค์การอนามัยโลกติดตามในปัจจุบัน ได้แก่
 - VOI 1 สายพันธุ์ ได้แก่ XBB.1.5
 - VUM 7 สายพันธุ์ ได้แก่ BQ.1*, BA.2.75*, CH.1.1*, XBB*, XBB.1.16*, XBB.1.9.1* และ XBF*
- สถานการณ์ในประเทศไทย พบสายพันธุ์ลูกผสม XBB.* รวมถึง XBB.1.5, XBB.1.9.1 และ XBB.1.16 เพิ่มขึ้นอย่างต่อเนื่อง ซึ่งมีแนวโน้มทดแทนสายพันธุ์หลักเดิม BN.1*
- สถานการณ์สายพันธุ์ XBB.1.16 ในประเทศไทย พบแล้วจำนวน 27 ราย (ข้อมูล ณ วันที่ 17 เมษายน 2566) ซึ่งเป็นผู้ติดเชื้อในช่วงเดือนมีนาคม 2566 และเดือนเมษายน 2566
- SARS-CoV-2 Omicron XBB.1.16
 - อาจมีความสามารถในการแพร่เชื้อในระดับที่มากกว่าสายพันธุ์ย่อย XBB.1 และ XBB.1.5
 - มีศักยภาพการหลบภูมิคุ้มกันคล้ายกับ XBB.1 และ XBB.1.5
 - ยังไม่มีหลักฐานเรื่องความรุนแรงเพิ่มขึ้น

สรุป

- ATK และ Real-time PCR สามารถใช้ตรวจคัดกรองการติดเชื้อไวรัสก่อโรคโควิด 19 สายพันธุ์ลูกผสมได้
- กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์จะเก็บตัวอย่างจากผู้ป่วยโควิด 19 ทั่วประเทศ มาตรวจสายพันธุ์เพิ่มขึ้น ทั้งชาวไทยและชาวต่างชาติ โดยเฉพาะในรายที่มีอาการรุนแรง หรือเสียชีวิต เพื่อเฝ้าระวังการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ต่อไป
- มาตรการป้องกันส่วนบุคคล (หน้ากากอนามัย ล้างมือ วัคซีน) จะช่วยลดการแพร่เชื้อ และรับเชื้อ โดยเฉพาะการเข้าร่วมกิจกรรมที่มีความเสี่ยง

ขอบคุณครับ



กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์
DEPARTMENT OF MEDICAL SCIENCES