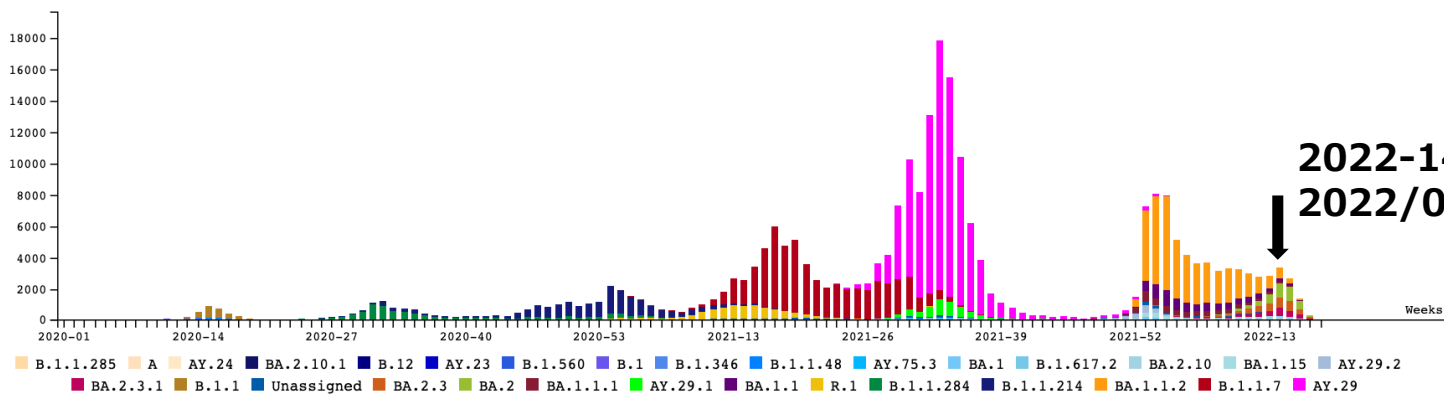


# 新型コロナウイルス ゲノムサーベイランスによる系統別検出状況（国立感染症研究所）

## 国内 新型コロナゲノムの PANGO lineage 変遷（2022/05/09 現在）

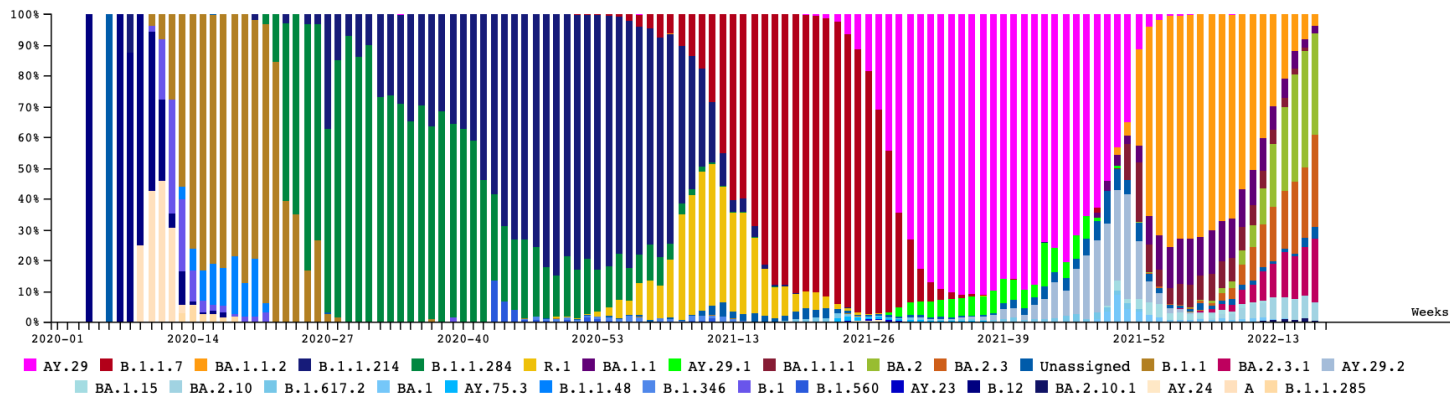
[Only Domestic] Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

[Only Domestic] Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

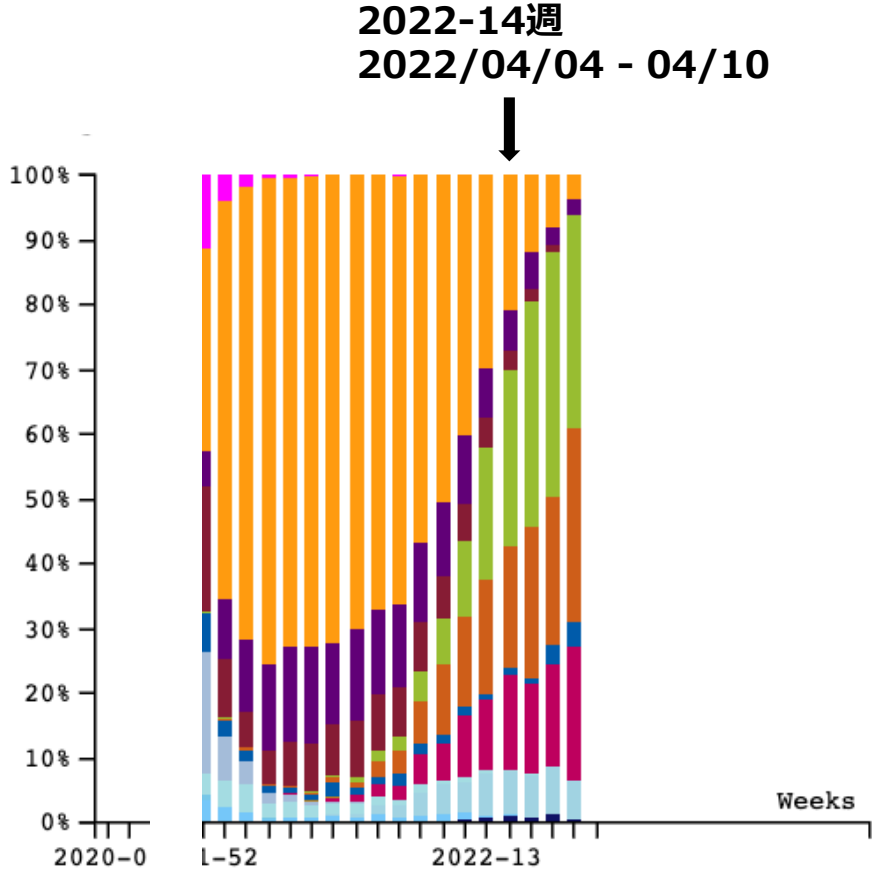
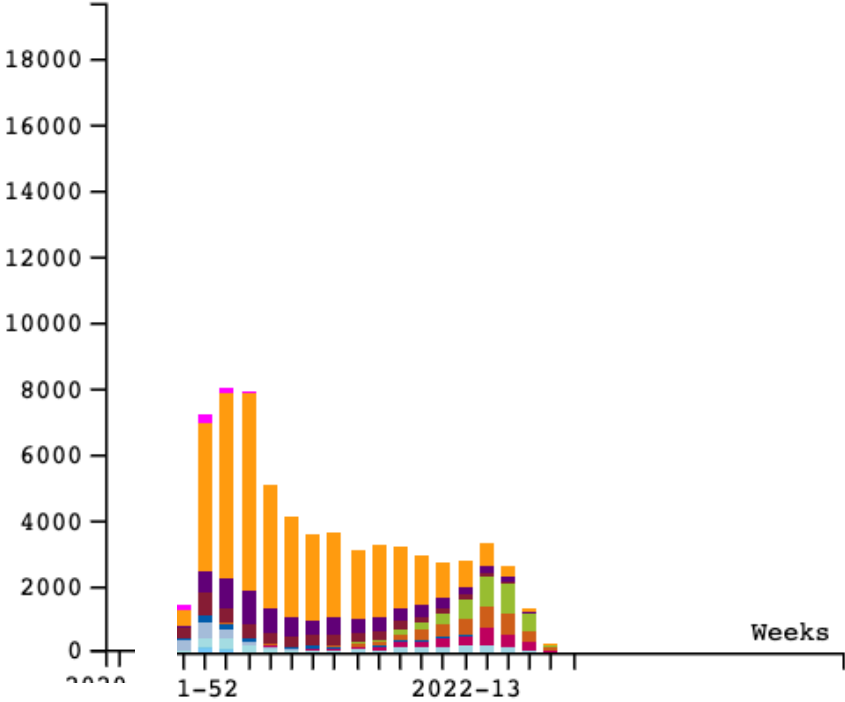
2022-14	
AY.29	0
B.1.1.7	0
BA.1.1.2	702
B.1.1.214	0
B.1.1.284	0
R.1	0
BA.1.1	213
AY.29.1	0
BA.1.1.1	106
BA.2	916
BA.2.3	642
Unassigned	31
B.1.1	0
BA.2.3.1	495
AY.29.2	0
BA.1.15	9
BA.2.10	226
B.1.617.2	0
BA.1	7
AY.75.3	0
B.1.1.48	0
B.1.346	0
B.1	0
B.1.560	0
AY.23	0
B.12	0
BA.2.10.1	35

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。  
 ※変異株PCR検査での陽性検体を優先してゲノム解読していたこともあるため、正確な母数でPANGO lineage判定できない可能性がある。  
 ※デルタ株は、PANGO系統のB.1.617.2系統とその亜系統にあたるAY系統を含む。  
 ※オミクロン株は、PANGO系統のB.1.1.529系統とその亜系統にあたるBA系統を含む。  
 ※各都道府県のゲノムサーベイランスの状況については、厚生労働省HPの新型コロナウイルス感染症について/国内の発生状況/変異株に関する参考資料、において公表しています。

※その他の株は検出されていない。  
 ※内訳は、BA.1 30.6%、BA.2 68.3%、デルタ株 0%、  
 それ以外 1.1%

**2022-14週 2022/04/04 - 04/10**

# 国内 新型コロナゲノムの PANGO lineage 変遷 (2022/05/09 現在)

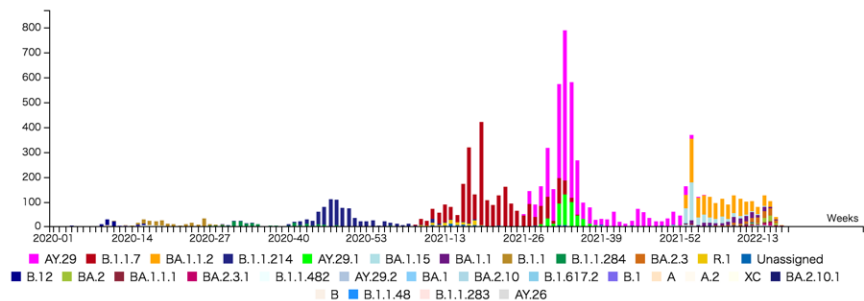


2022-14	
AY.29	0
B.1.1.7	0
BA.1.1.2	702
B.1.1.214	0
B.1.1.284	0
R.1	0
BA.1.1	213
AY.29.1	0
BA.1.1.1	106
BA.2	916
BA.2.3	642
Unassigned	31
B.1.1	0
BA.2.3.1	495
AY.29.2	0
BA.1.15	9
BA.2.10	226
B.1.617.2	0
BA.1	7
AY.75.3	0
B.1.1.48	0
B.1.1.346	0
B.1	0
B.1.1.560	0
AY.23	0
B.1.2	0
BA.2.10.1	35

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。  
 ※変異株PCR検査での陽性検体を優先してゲノム解読していたこともあるため、正確な母数でPANGO lineage判定できない可能性がある。  
 ※デルタ株は、PANGO系統のB.1.617.2系統とその亜系統にあたるAY系統を含む。  
 ※オミクロン株は、PANGO系統のB.1.1.529系統とその亜系統にあたるBA系統を含む。  
 ※各都道府県のゲノムサーベイランスの状況については、厚生労働省HPの新型コロナウイルス感染症について/国内の発生状況/変異株に関する参考資料、において公表しています。

# 北海道

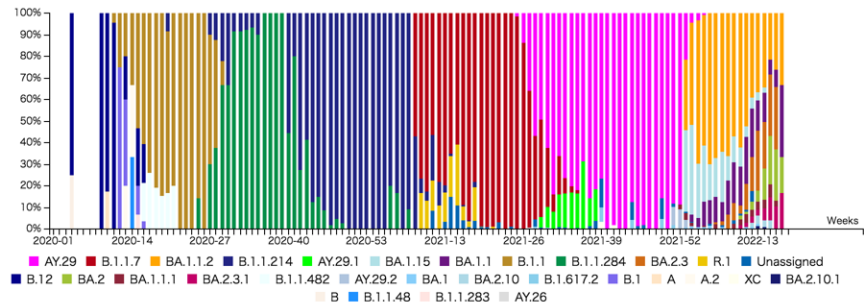
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

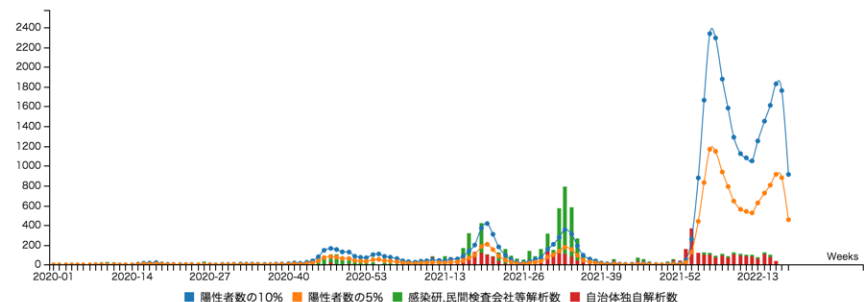
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

### [Asia/Japan/Hokkaido] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



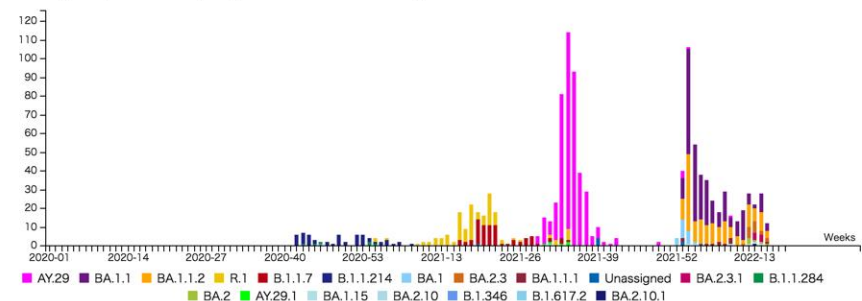
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 青森県

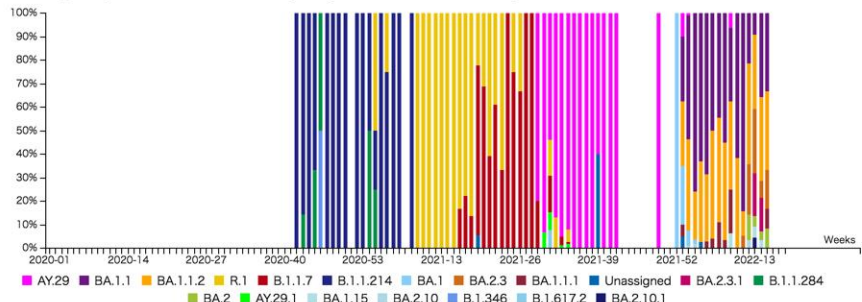
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

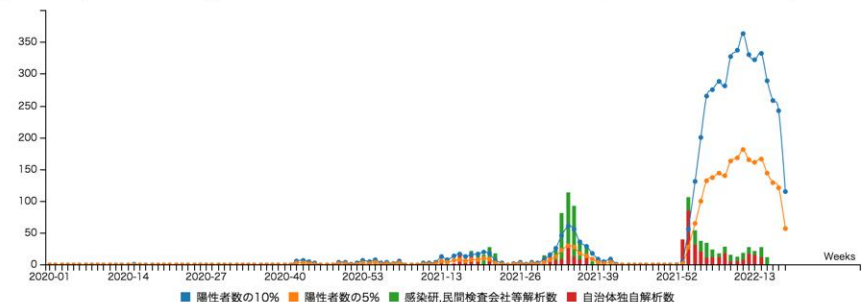
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

### [Asia/Japan/Aomori] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

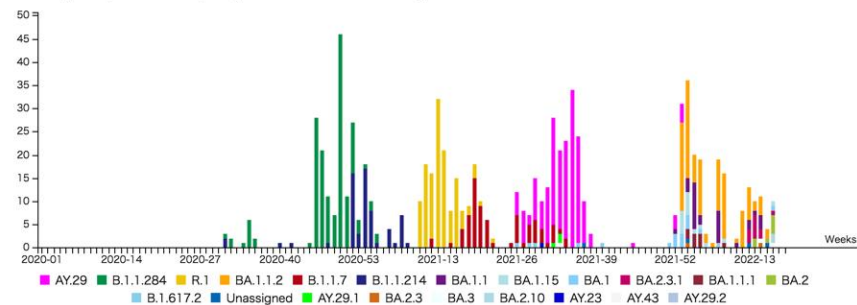
[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。

# 岩手県

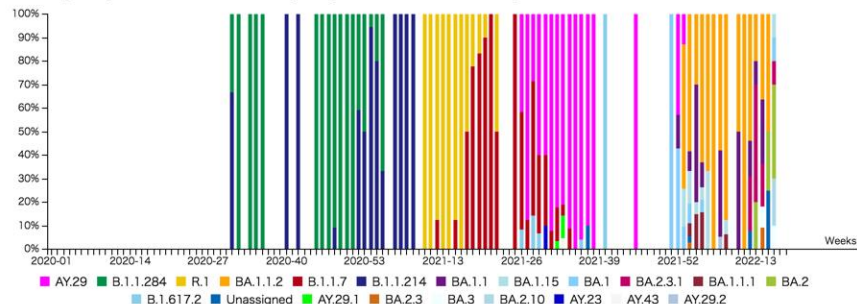
Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

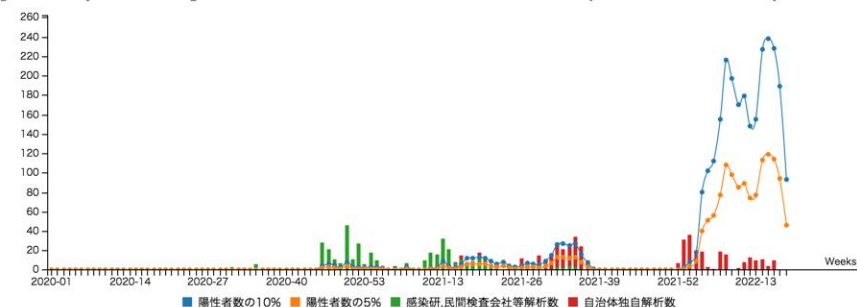
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

[Asia/Japan/Iwate] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



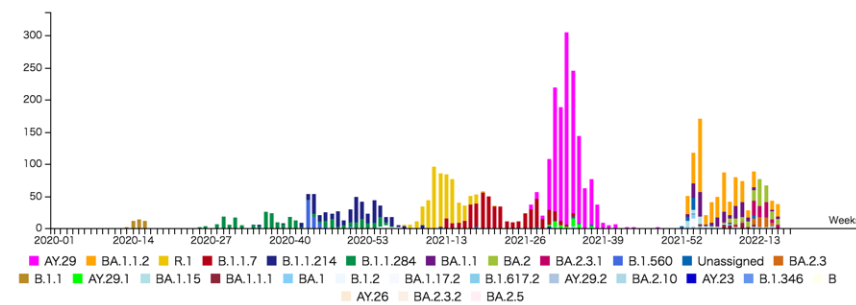
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 宮城県

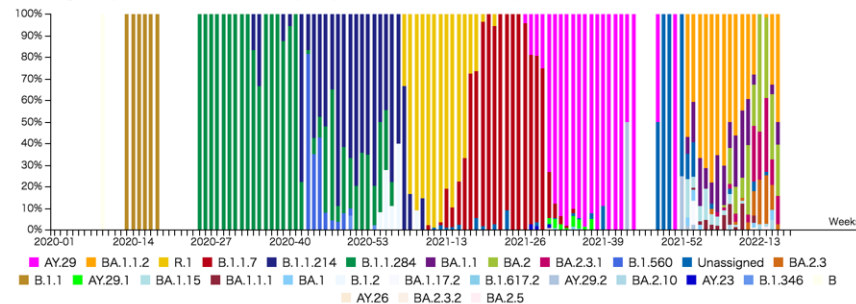
Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

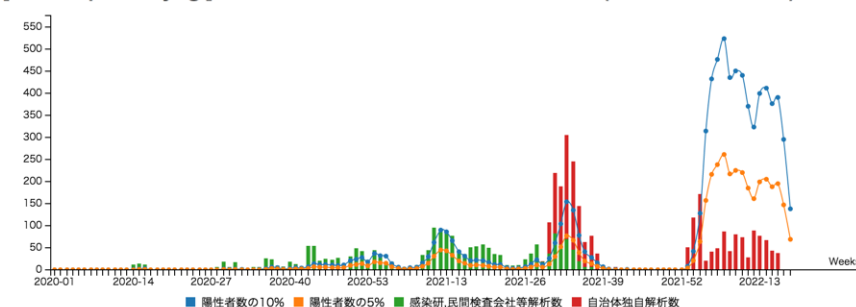
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

[Asia/Japan/Miyagi] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

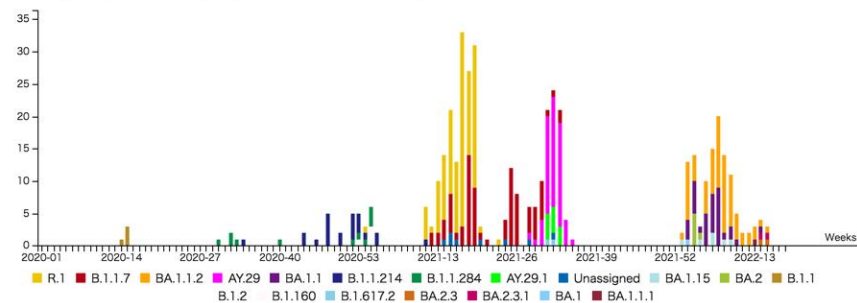
(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。



# 秋田県

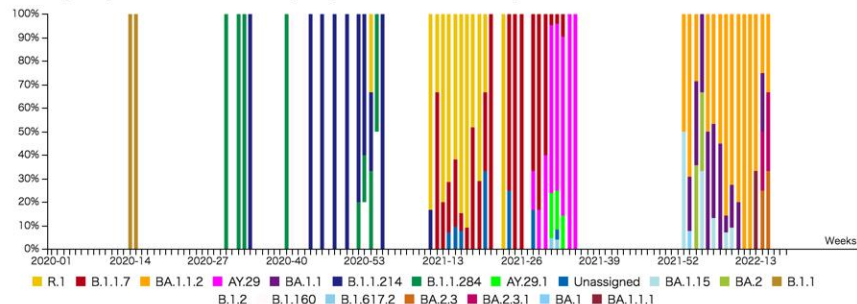
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

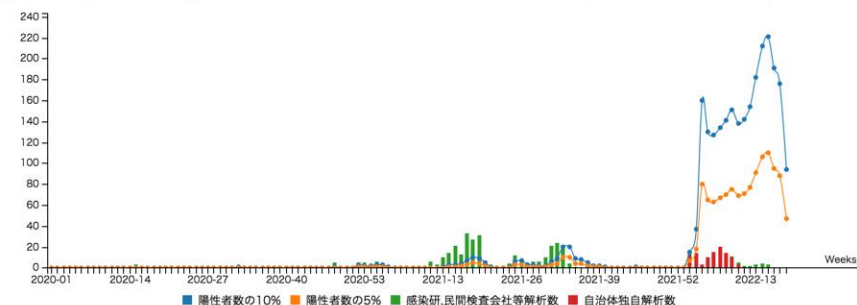
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Akita] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



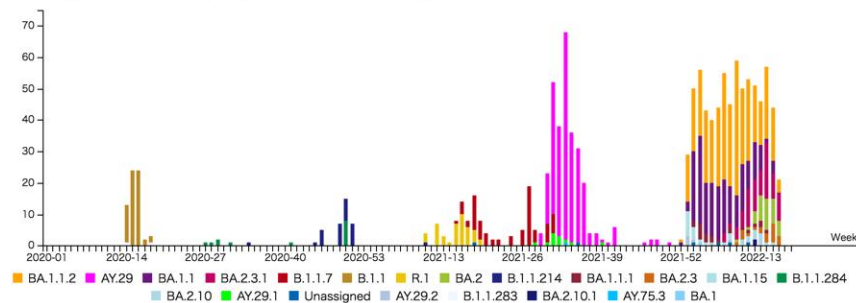
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 山形県

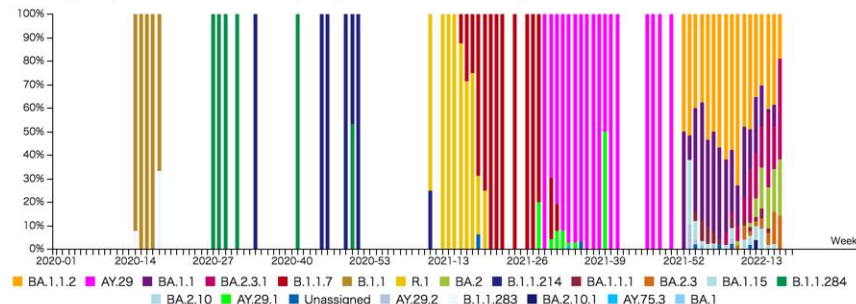
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

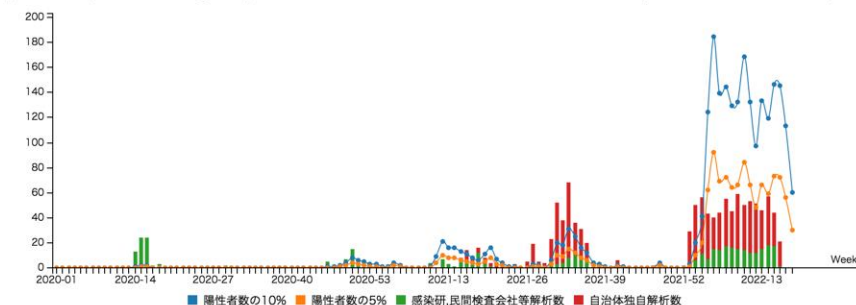
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Yamagata] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



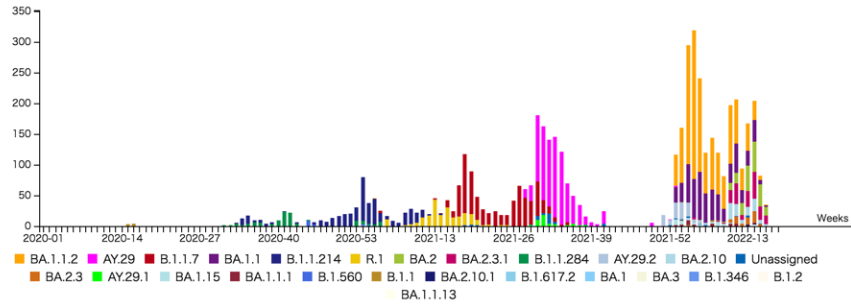
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 福島県

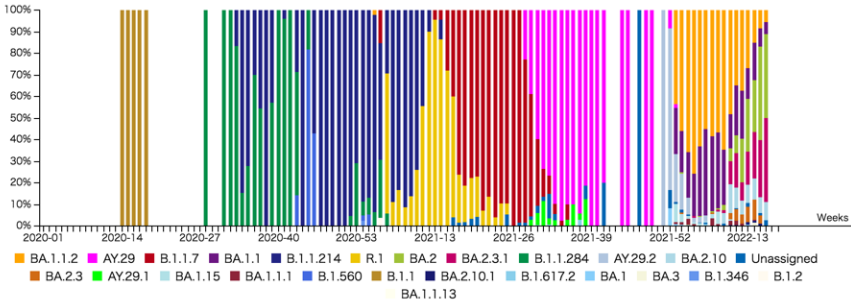
Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

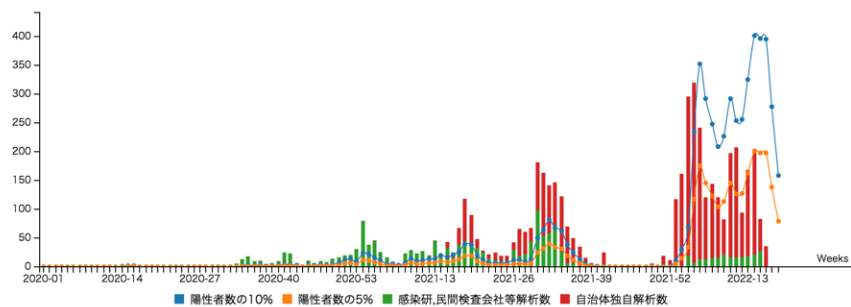
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

[Asia/Japan/Fukushima] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



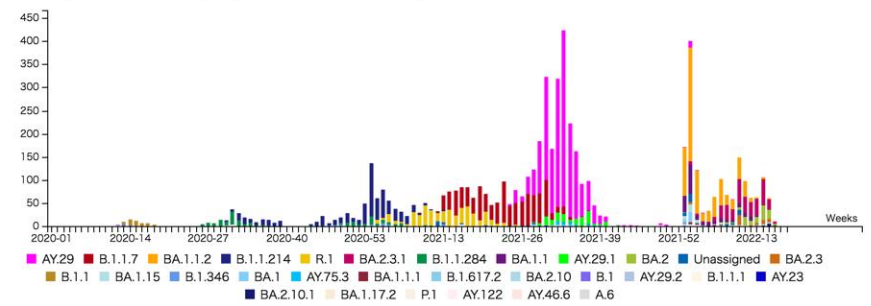
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 茨城県

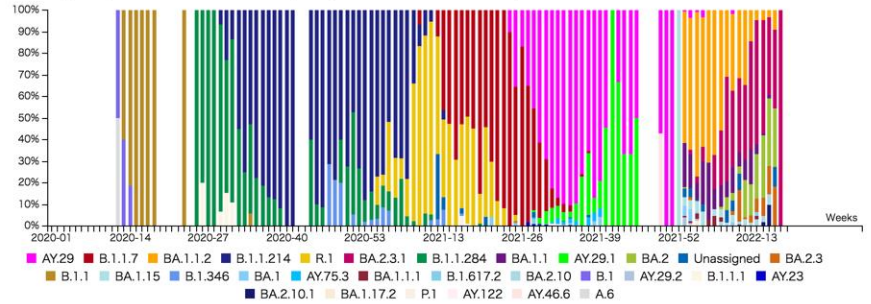
Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

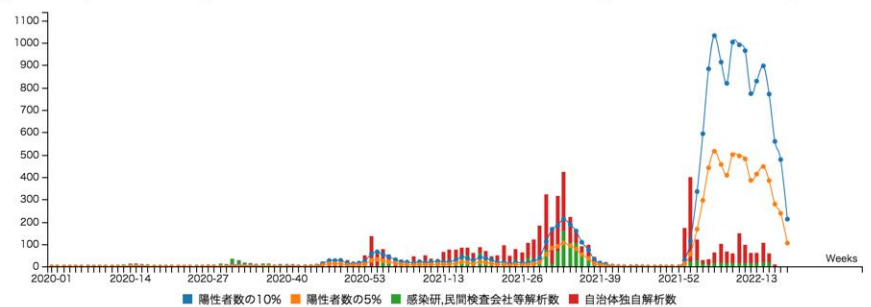
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

[Asia/Japan/Ibaraki] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

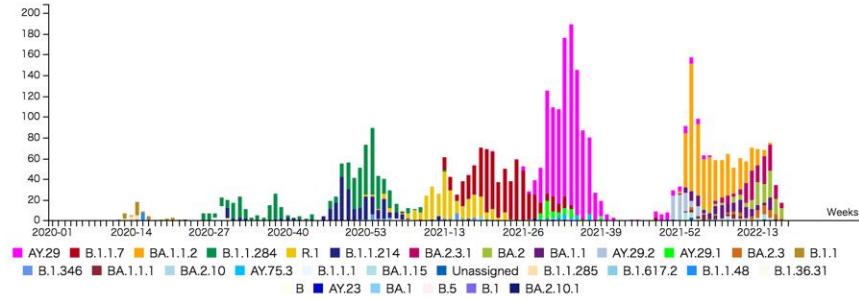
[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。

# 栃木県

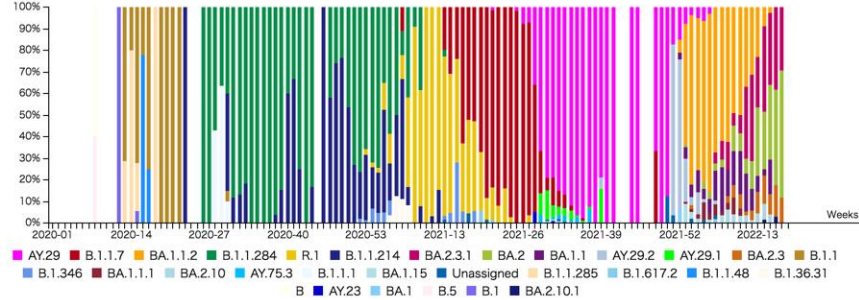
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

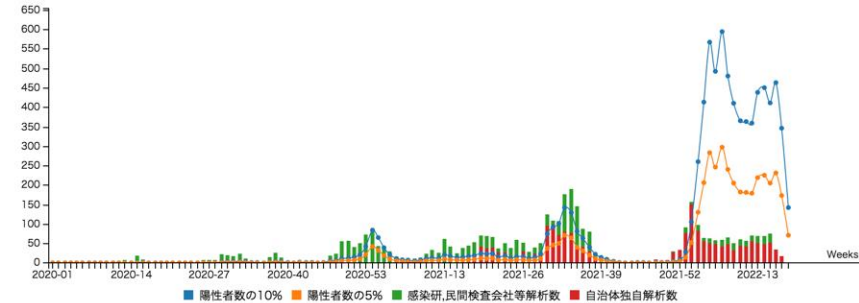
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Tochigi] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)

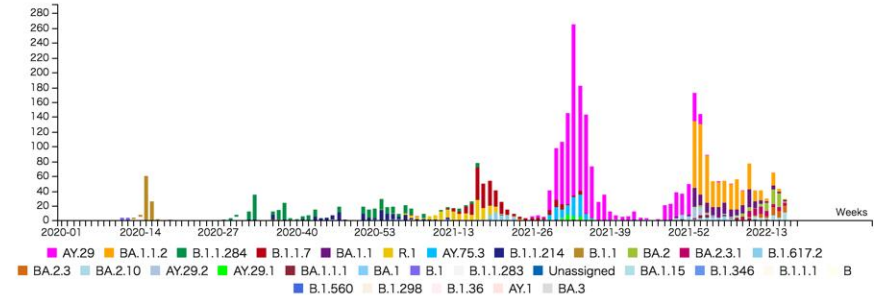


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。  
(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 群馬県

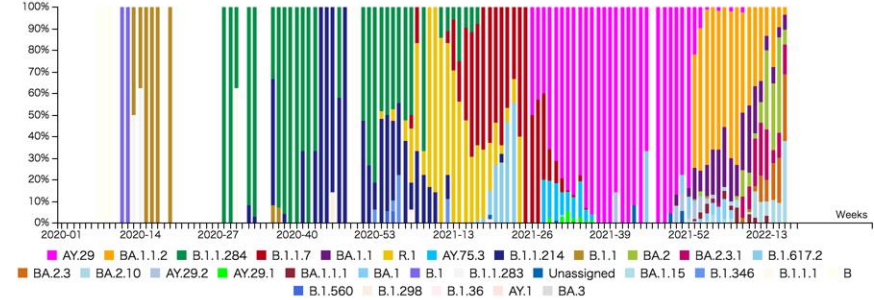
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

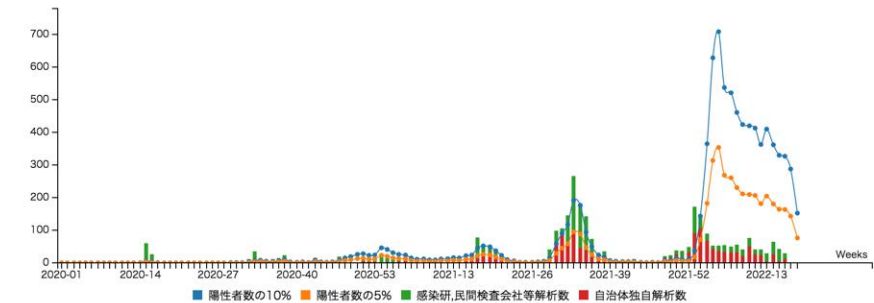
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Gunma] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

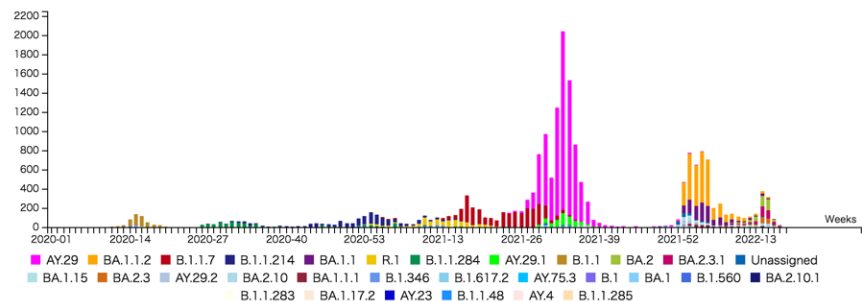
[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。  
(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。



# 埼玉県

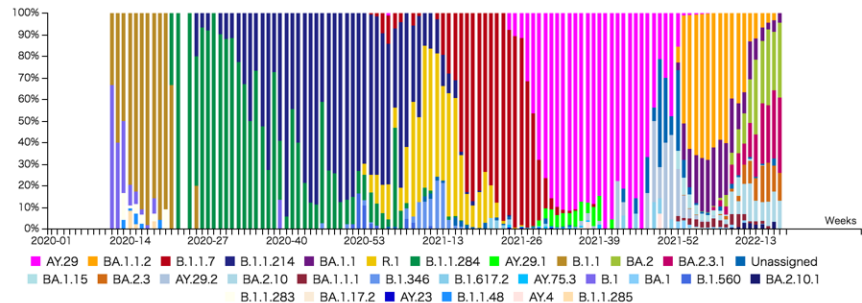
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

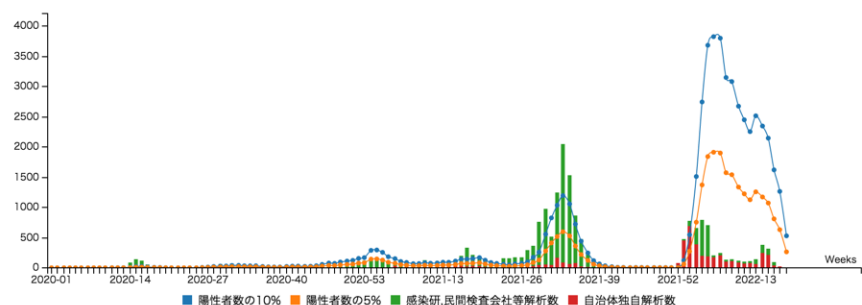
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Saitama] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



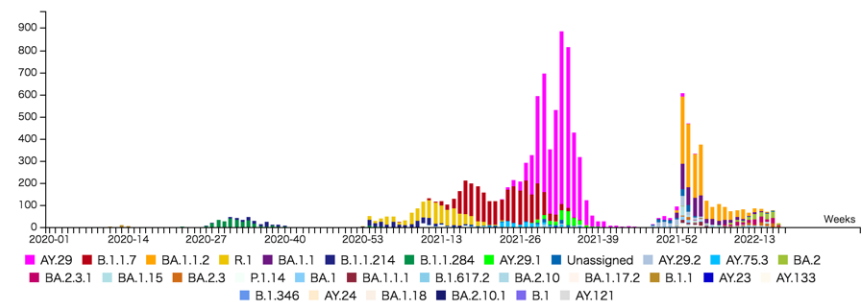
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 千葉県

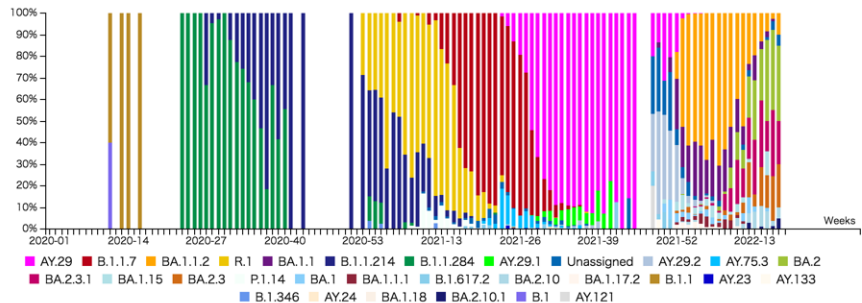
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

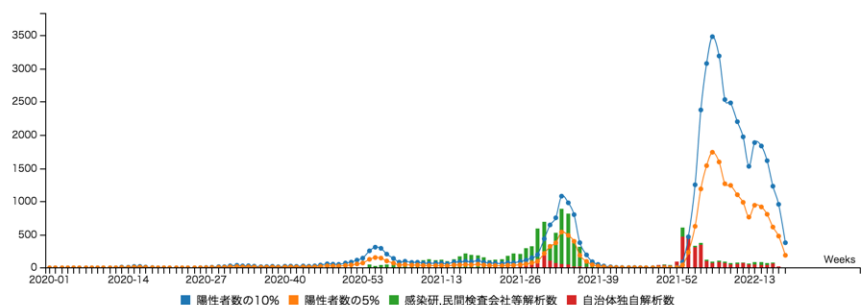
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Chiba] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

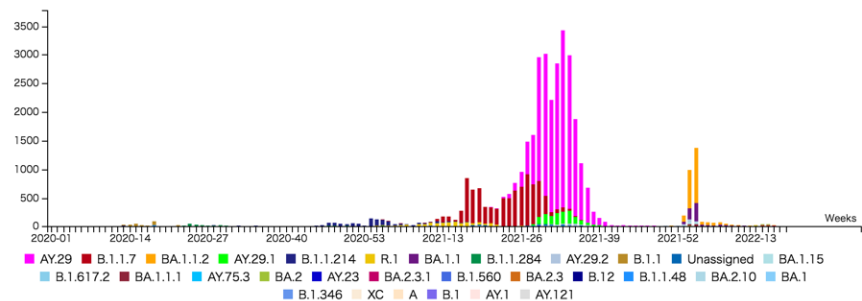
[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。

# 東京都

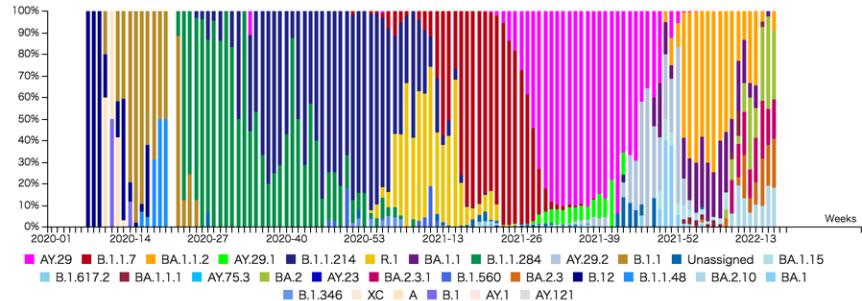
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

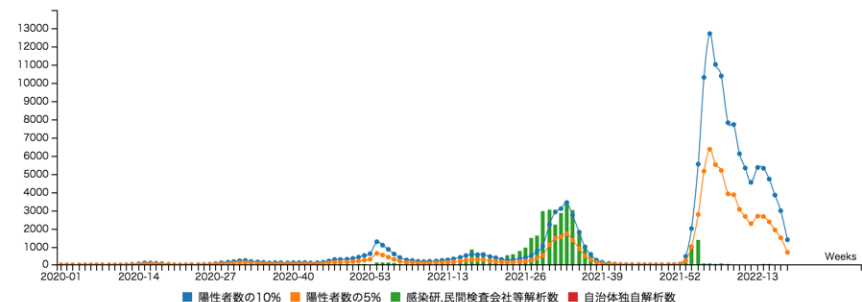
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Tokyo] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



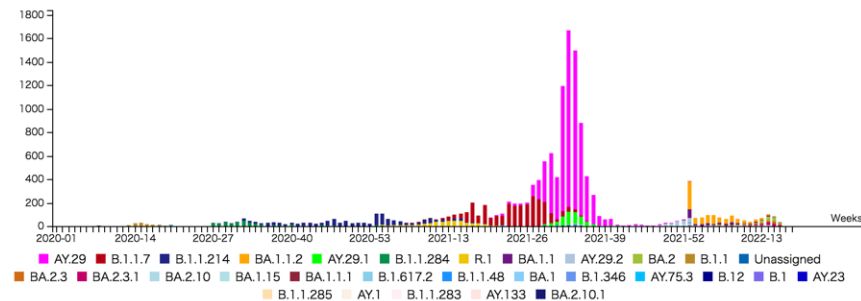
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 神奈川県

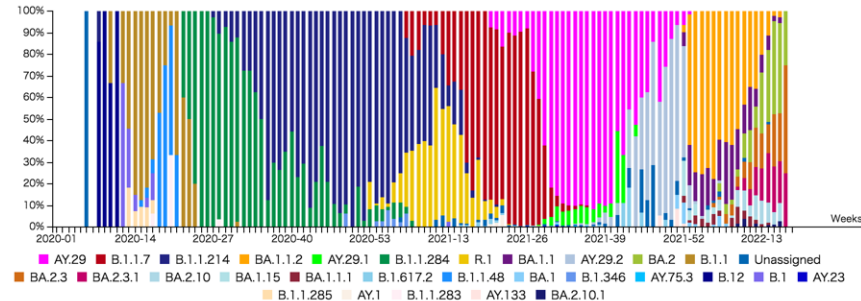
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

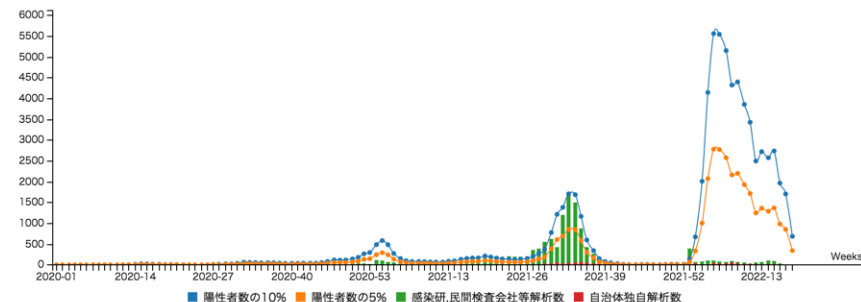
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Kanagawa] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

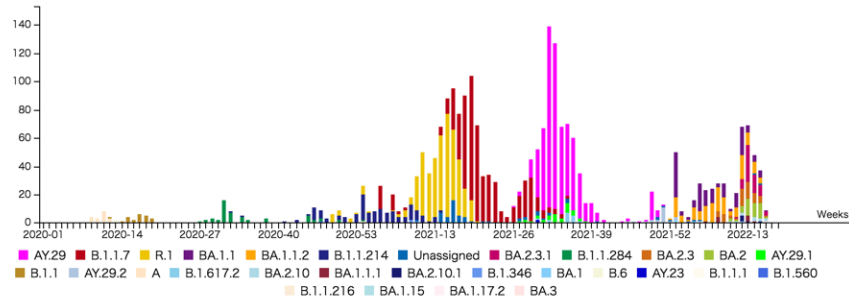
(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。



# 新潟県

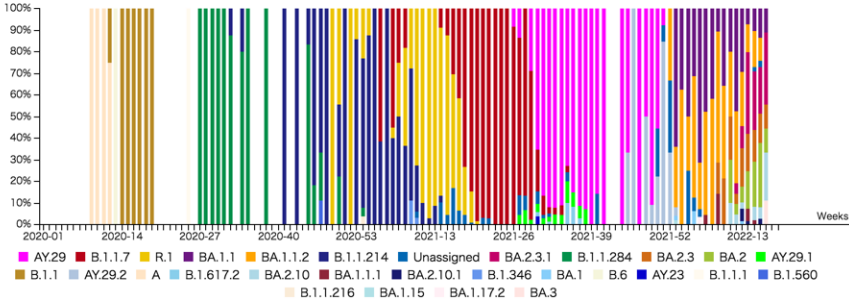
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

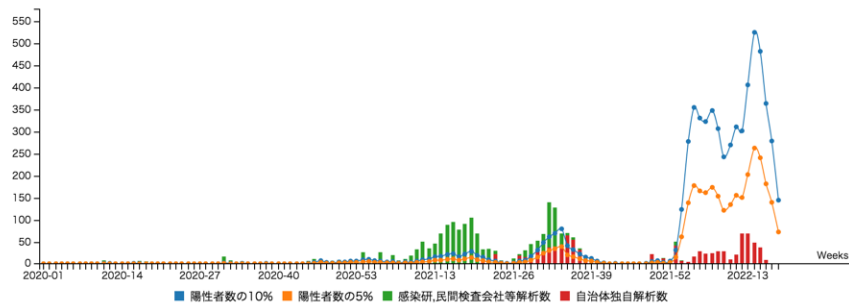
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Niigata] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



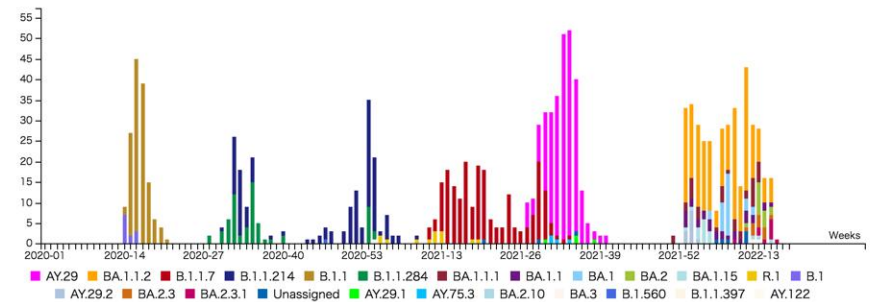
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 富山県

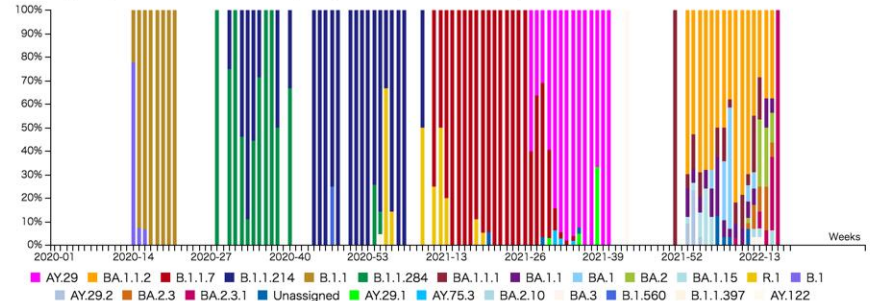
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

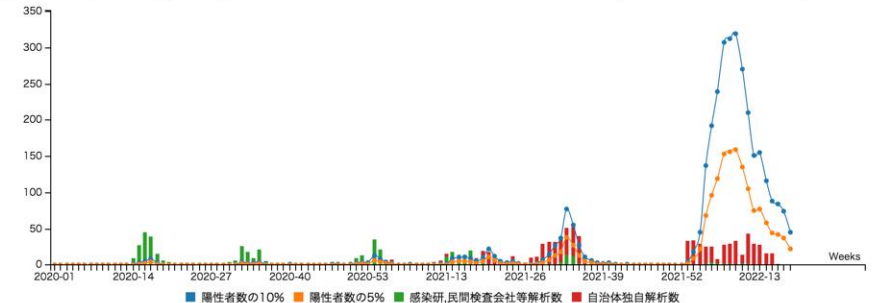
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Toyama] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



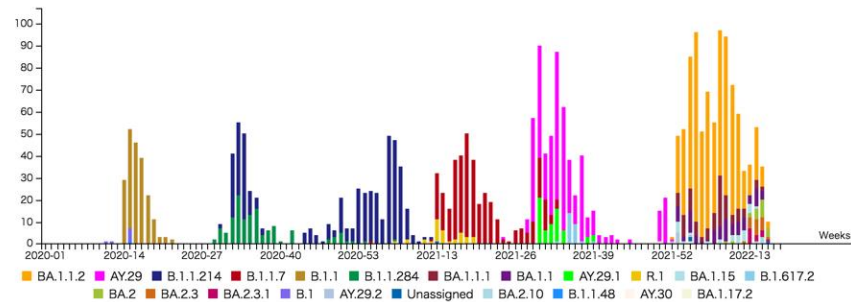
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 石川県

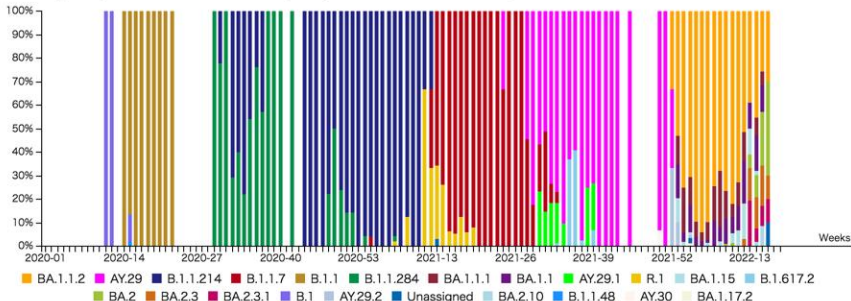
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

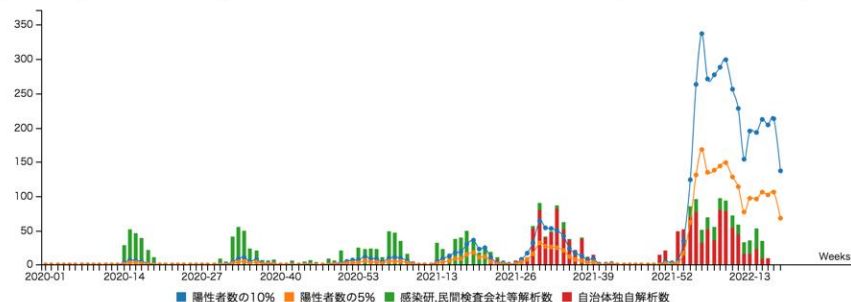
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Ishikawa] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



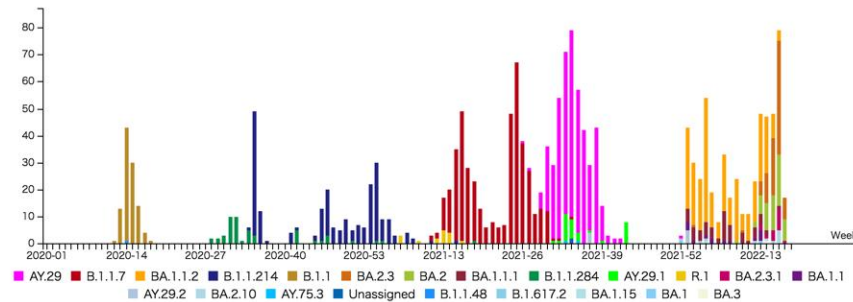
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 福井県

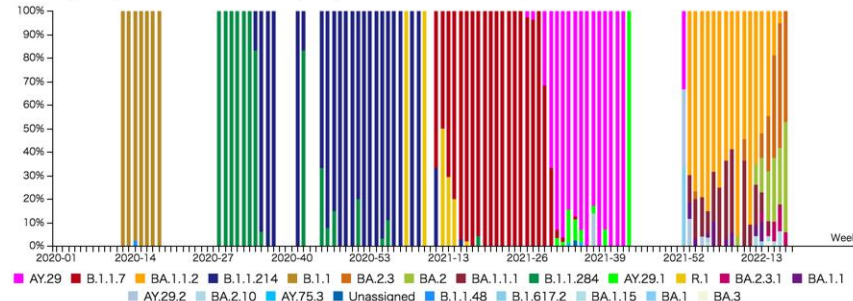
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

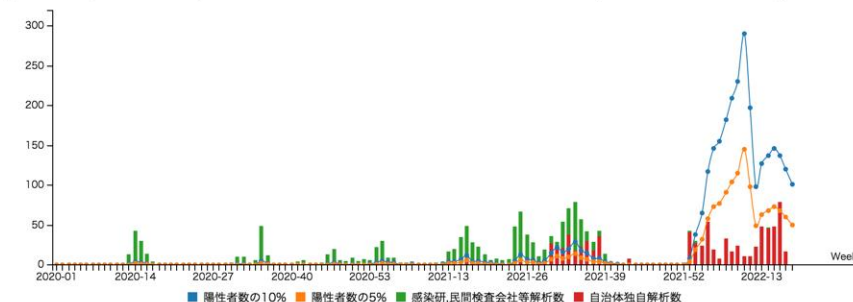
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Fukui] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

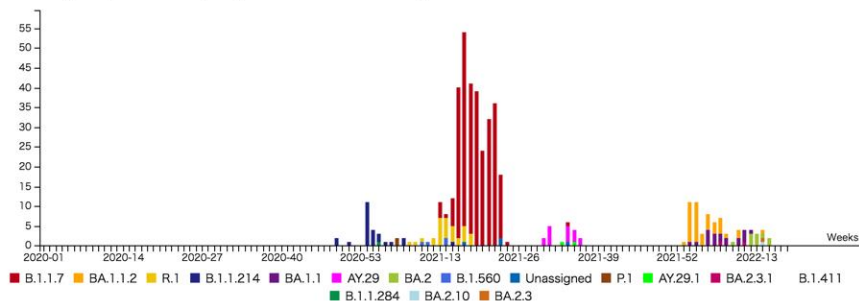
[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。

# 山梨県

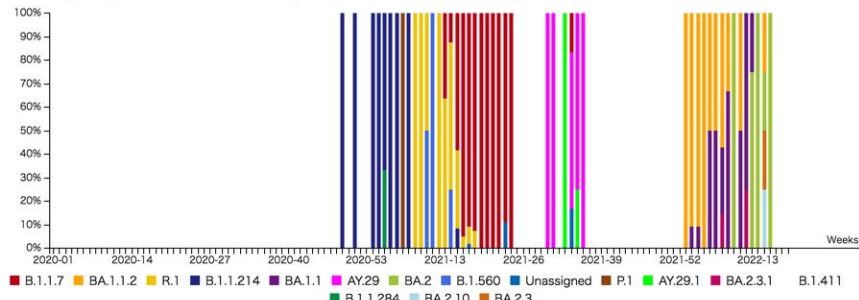
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

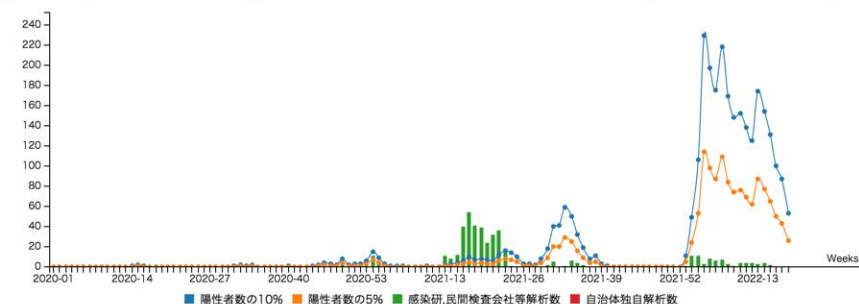
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Yamanashi] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



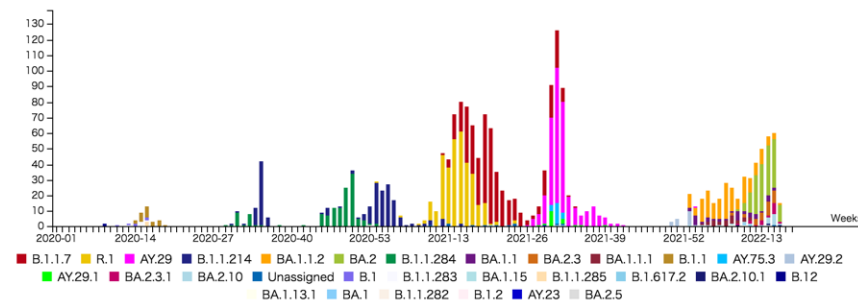
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 長野県

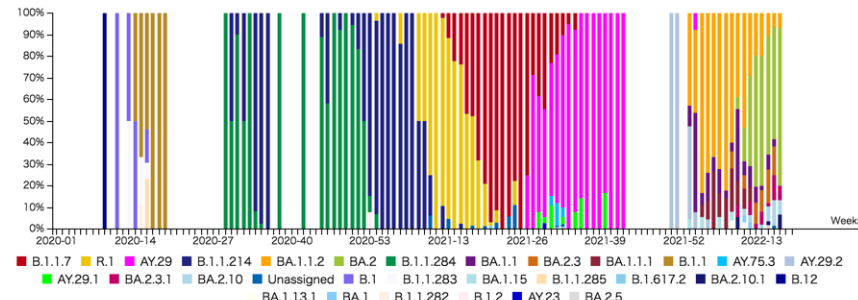
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

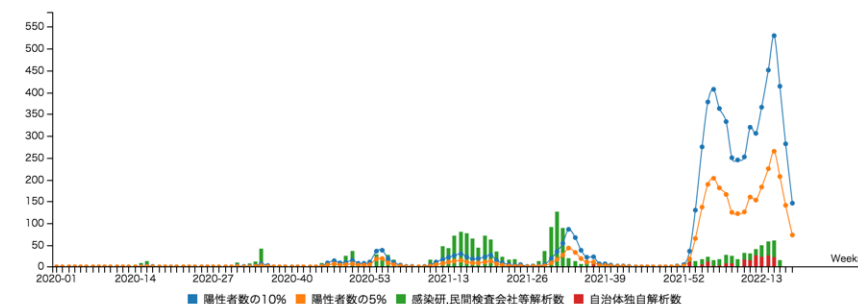
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Nagano] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

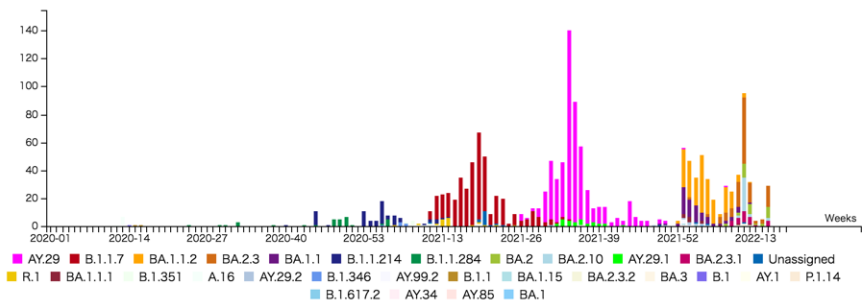
[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。

# 岐阜県

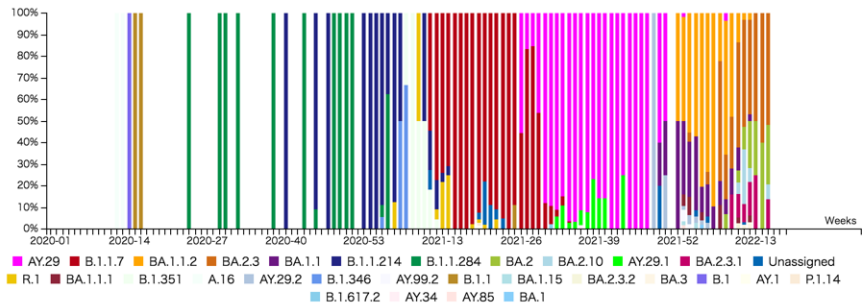
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

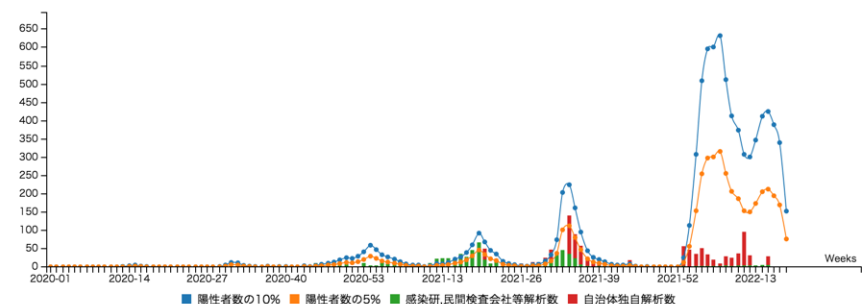
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Gifu] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



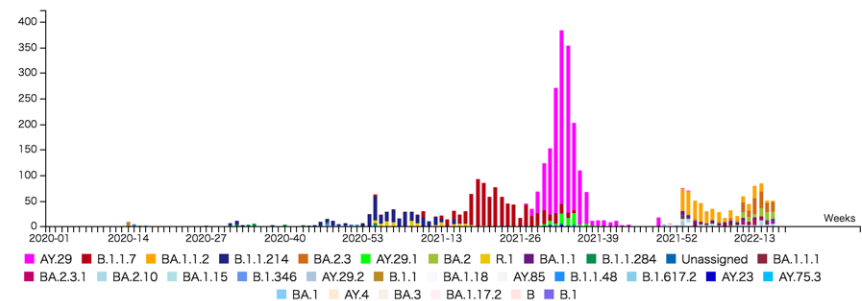
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 静岡県

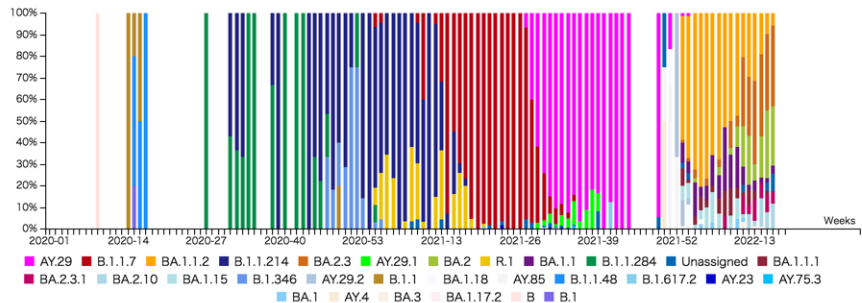
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

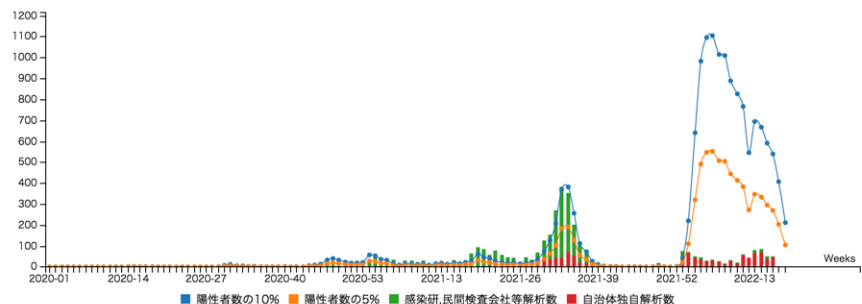
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Shizuoka] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

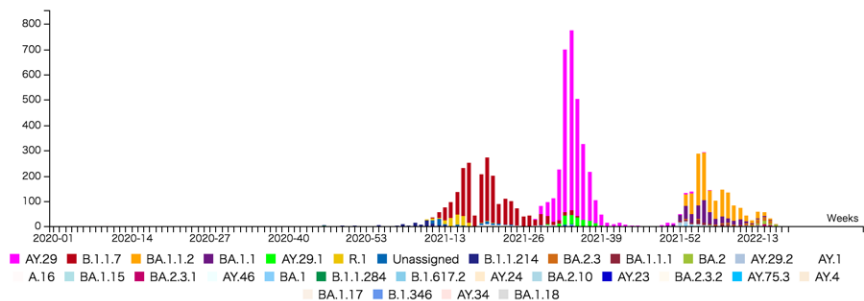
(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。



# 愛知県

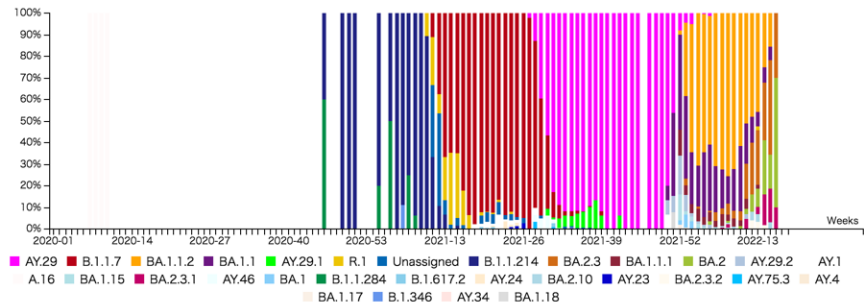
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

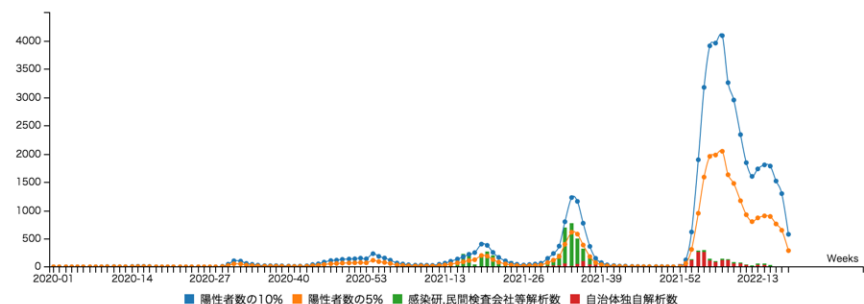
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Aichi] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



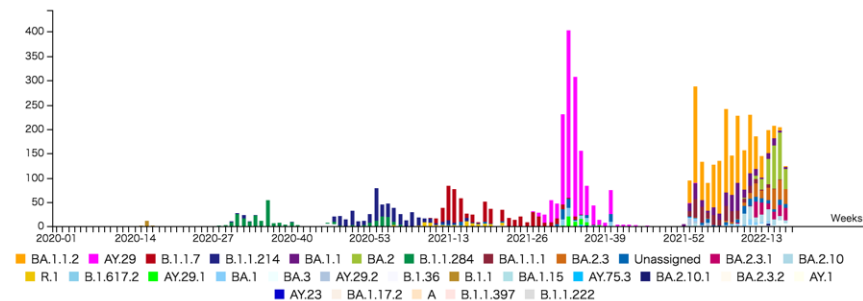
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 三重県

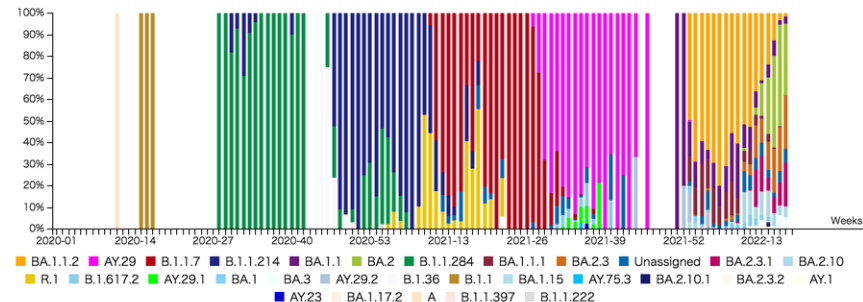
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

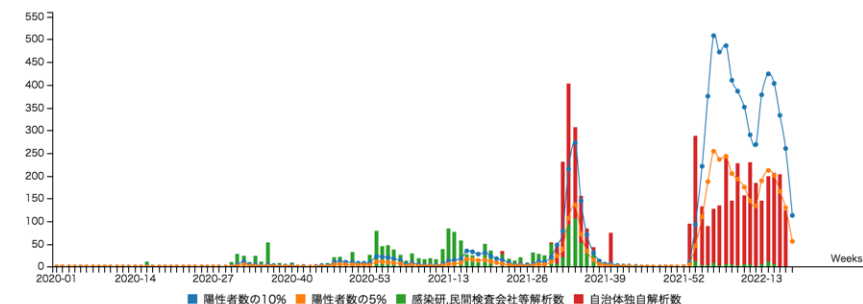
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Mie] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

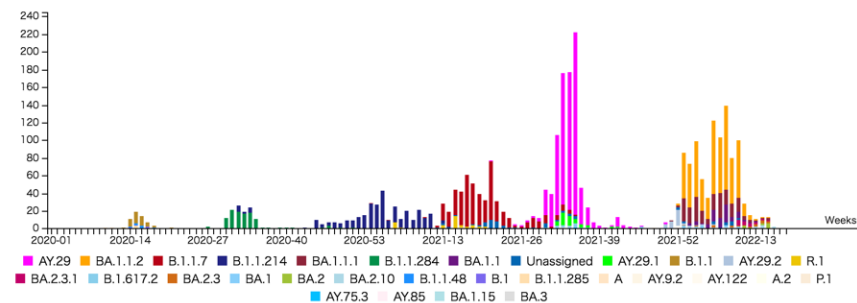
(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。



# 滋賀県

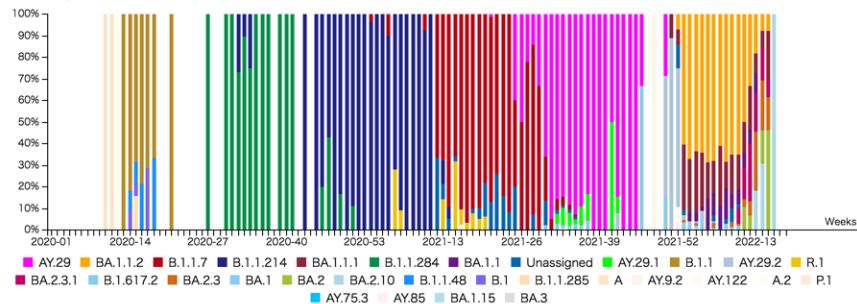
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

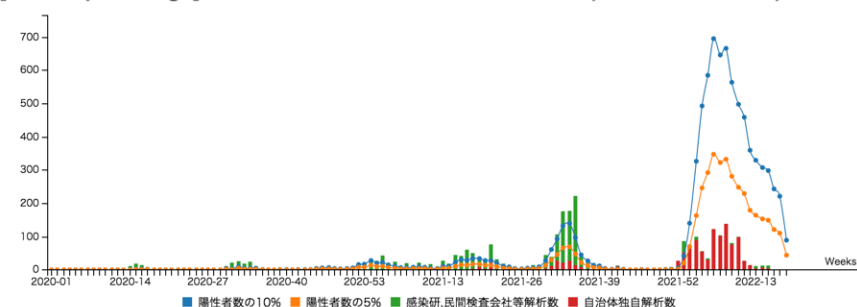
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Shiga] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



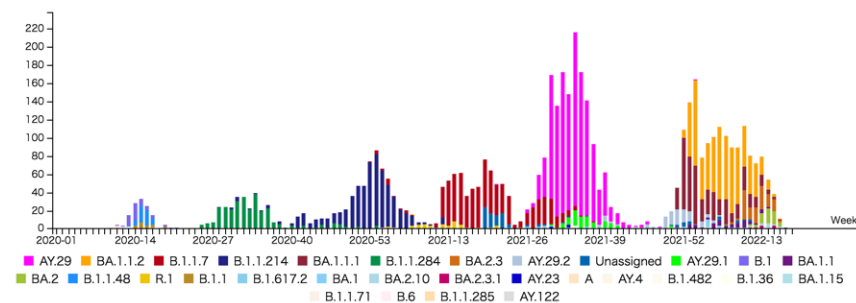
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 京都府

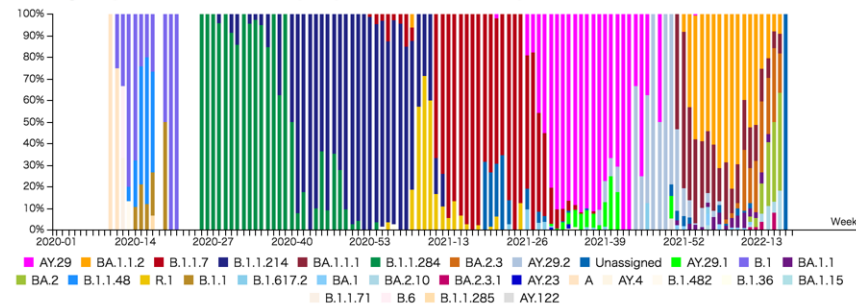
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

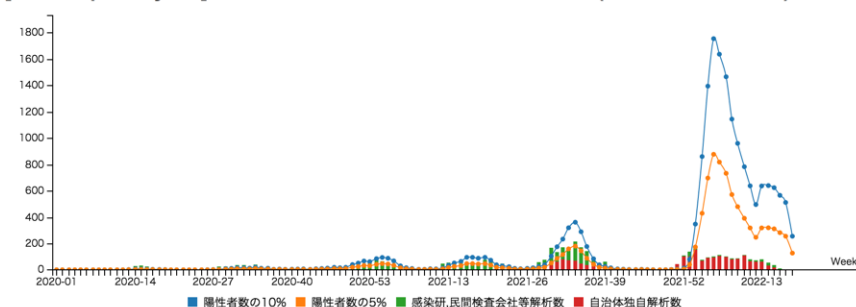
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Kyoto] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

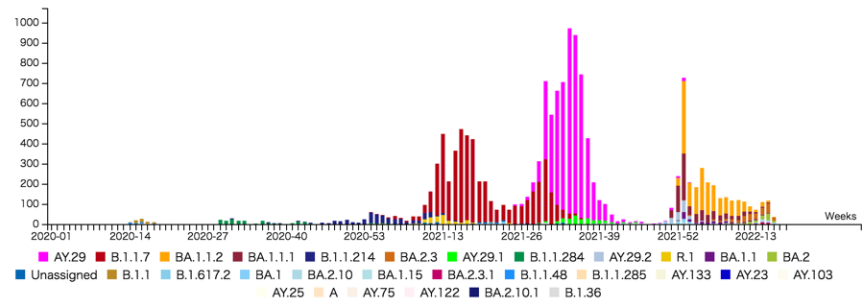
[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。

# 大阪府

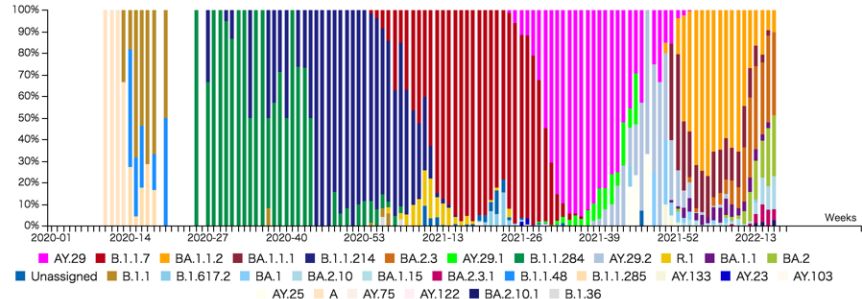
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

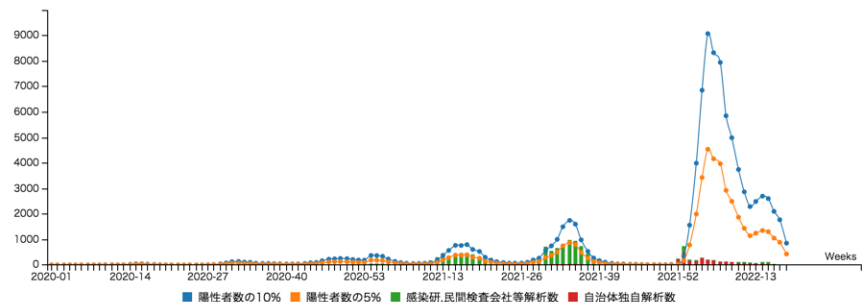
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

### [Asia/Japan/Osaka] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



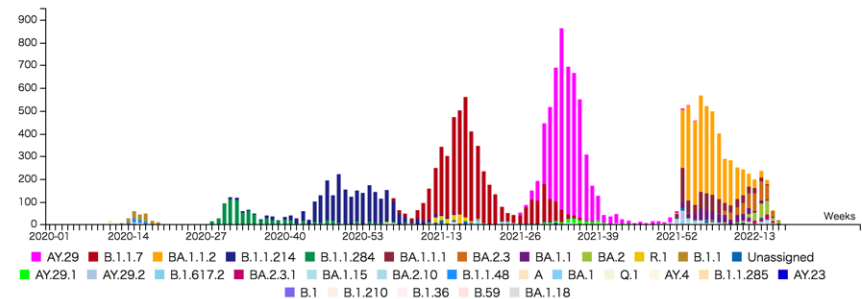
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 兵庫県

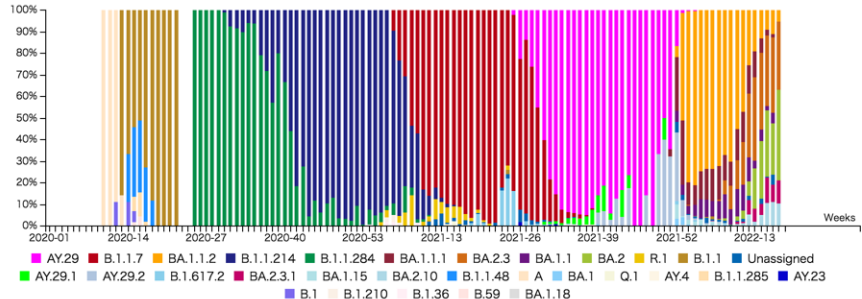
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

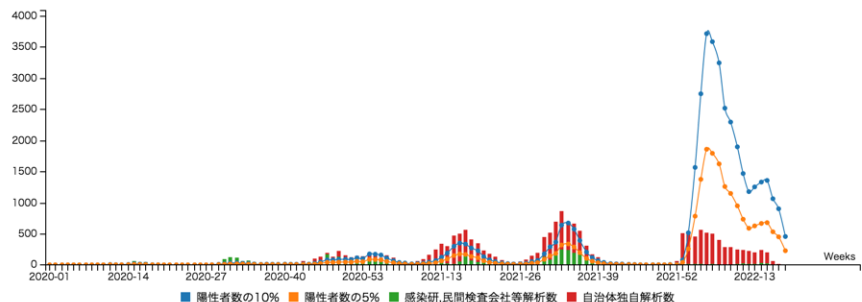
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

### [Asia/Japan/Hyogo] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

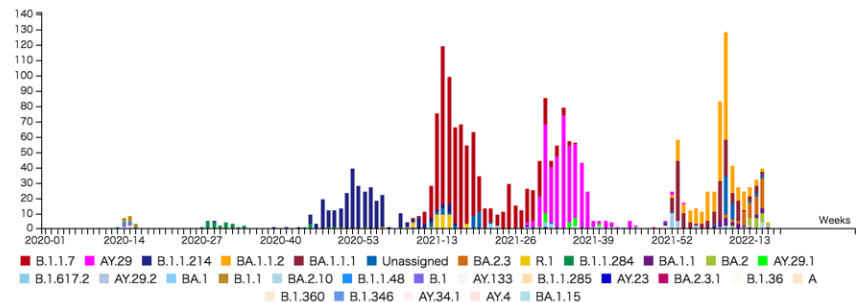
[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。

# 奈良県

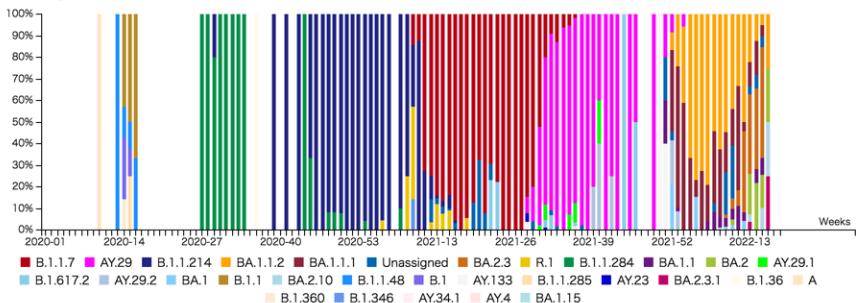
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

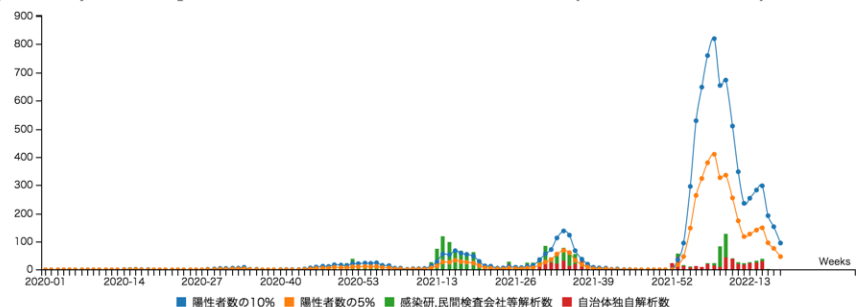
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

### [Asia/Japan/Nara] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



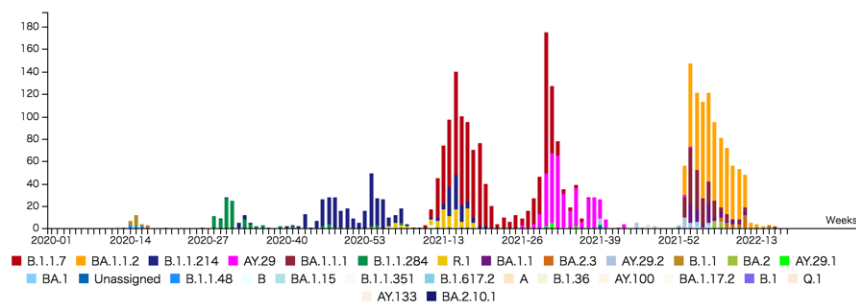
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 和歌山県

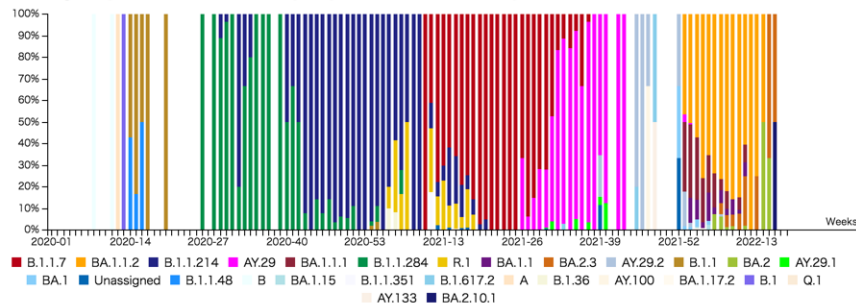
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

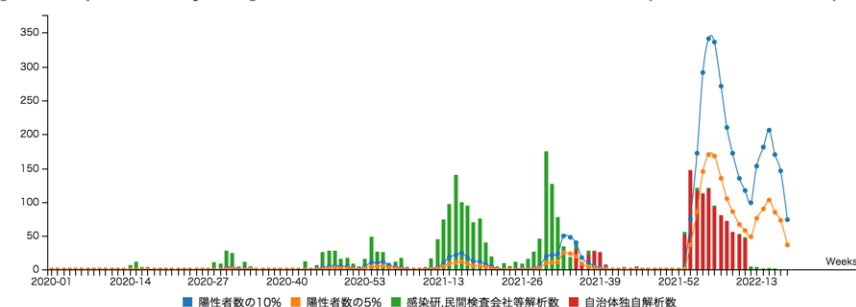
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

### [Asia/Japan/Wakayama] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

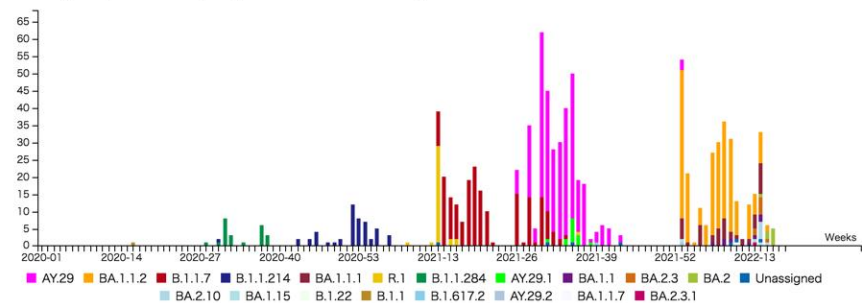
[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。

# 鳥取県

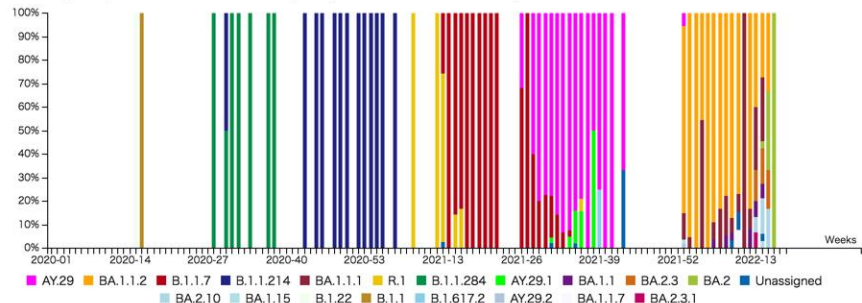
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

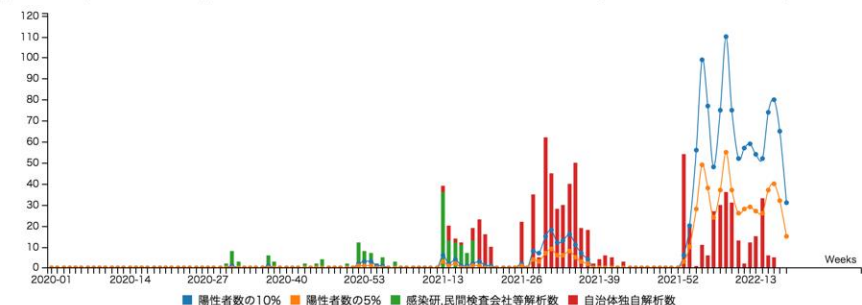
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Tottori] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



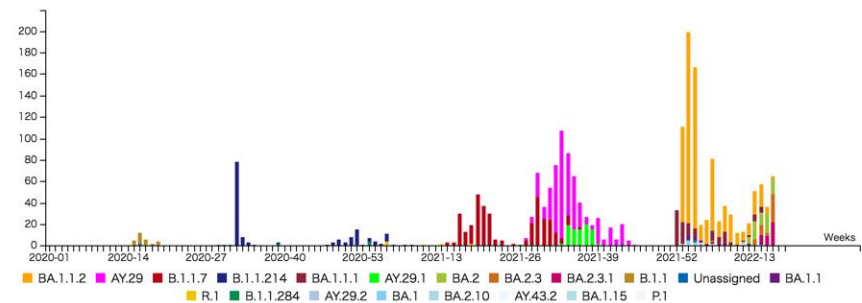
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 島根県

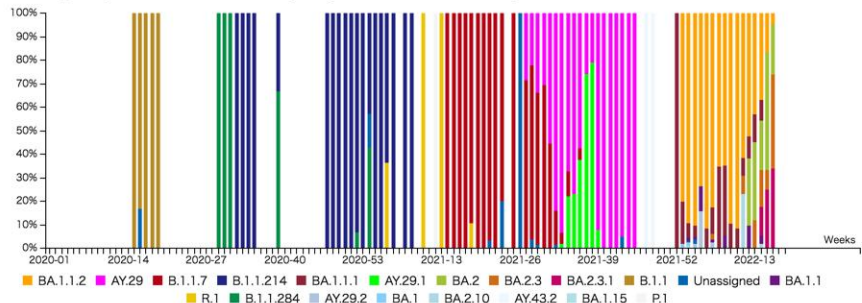
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

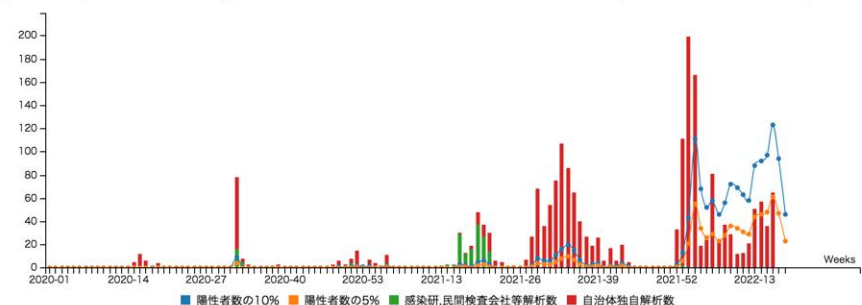
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Shimane] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

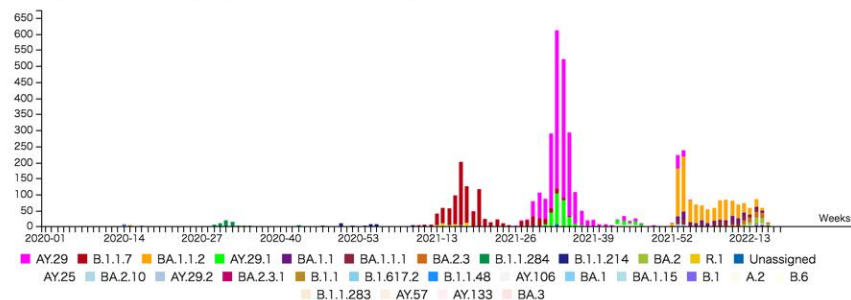
[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)



# 岡山県

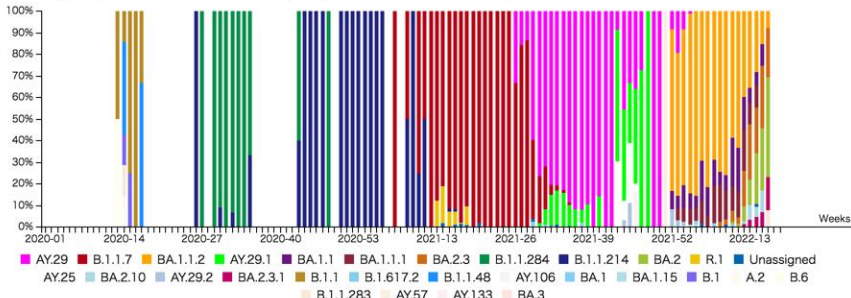
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

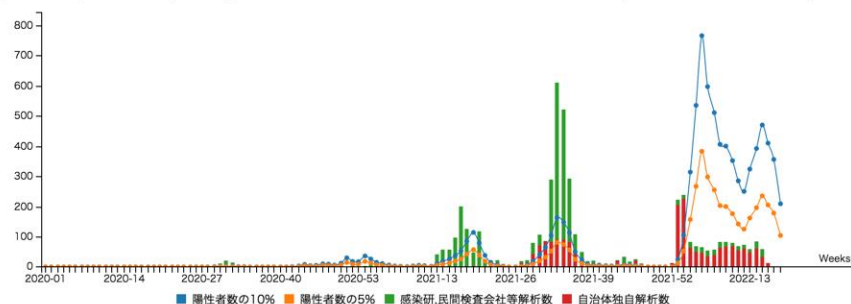
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Okayama] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



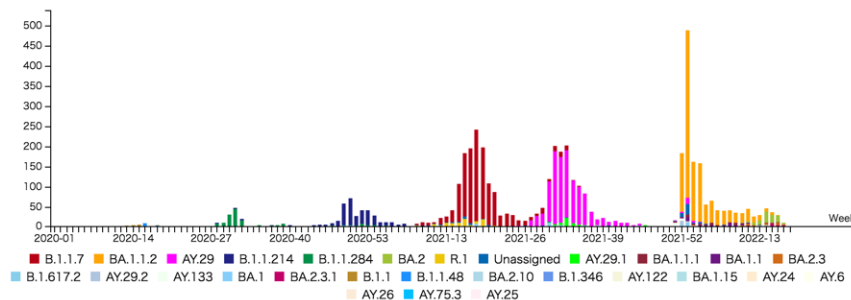
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 広島県

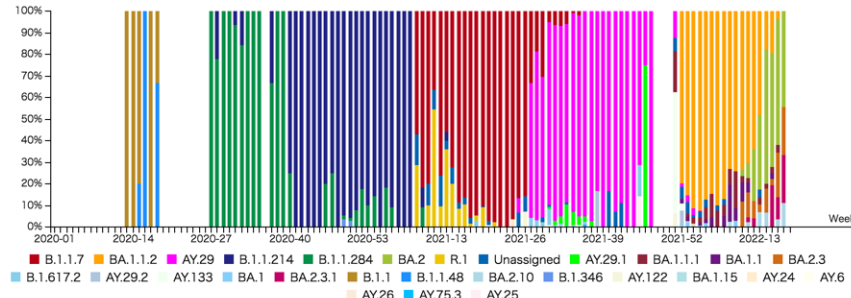
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

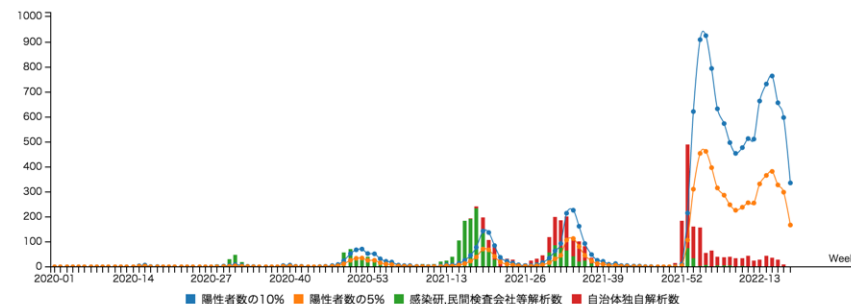
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Hiroshima] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

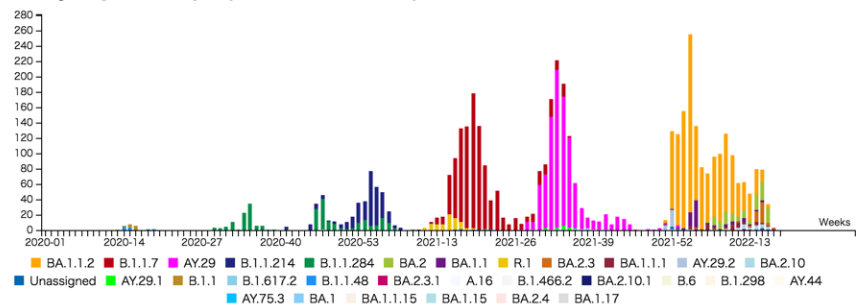
(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。



# 山口県

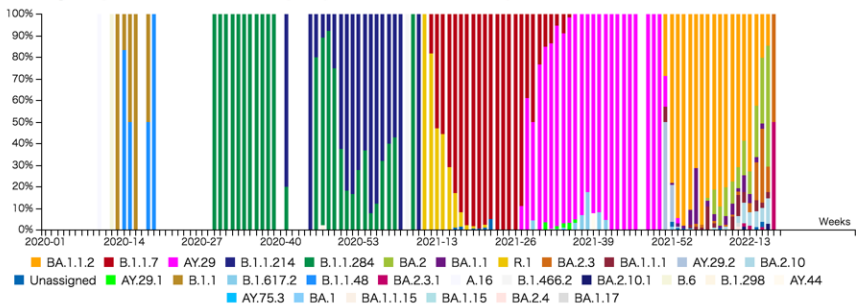
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

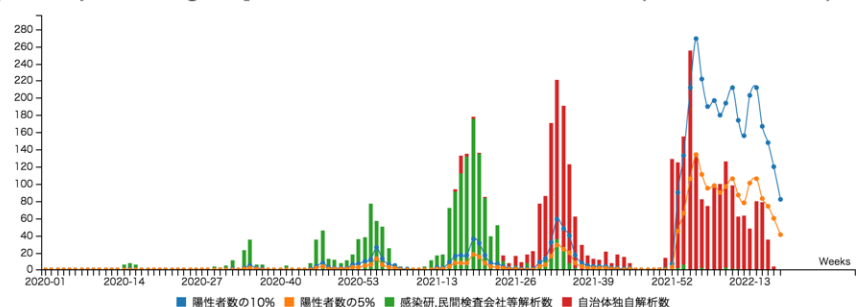
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

### [Asia/Japan/Yamaguchi] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



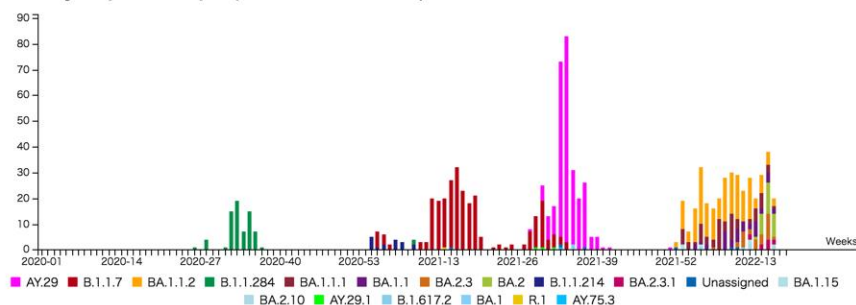
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 徳島県

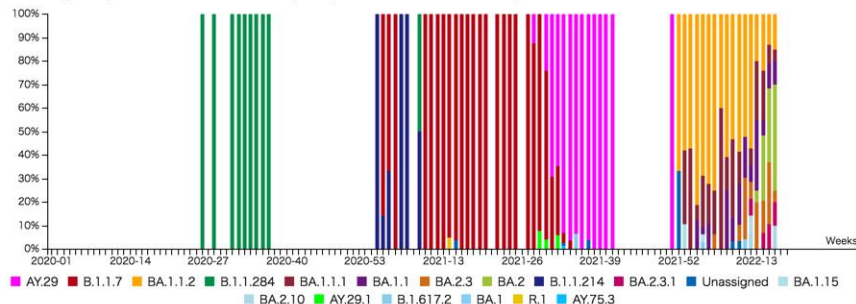
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

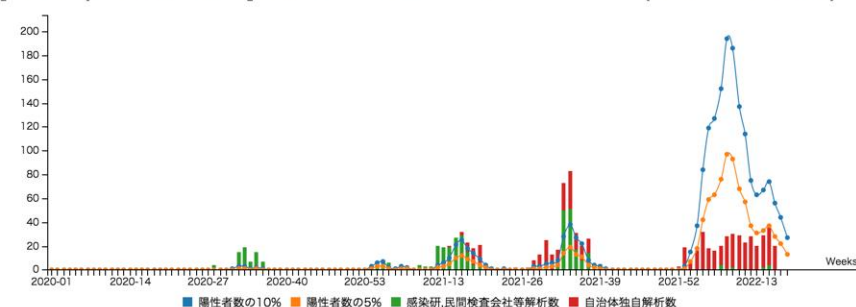
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

### [Asia/Japan/Tokushima] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

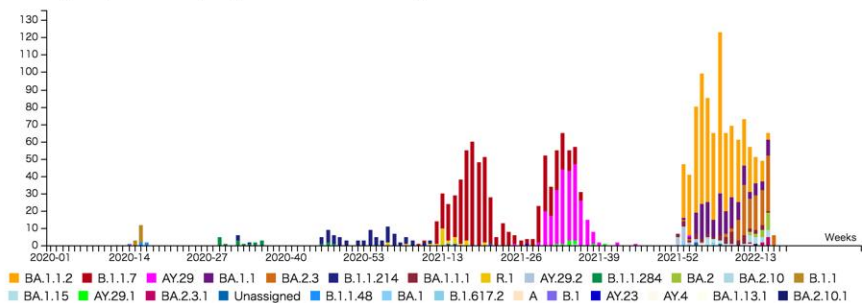
[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。

# 香川県

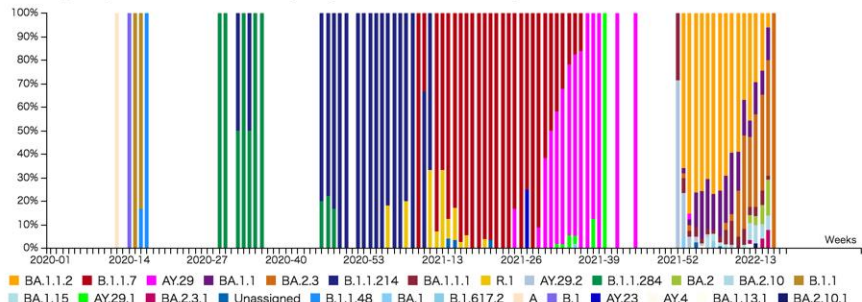
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

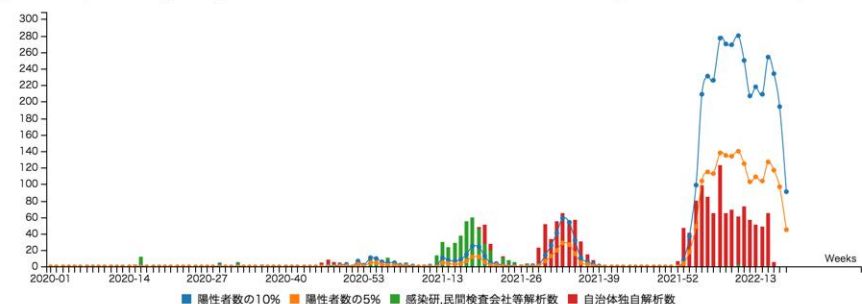
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Kagawa] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



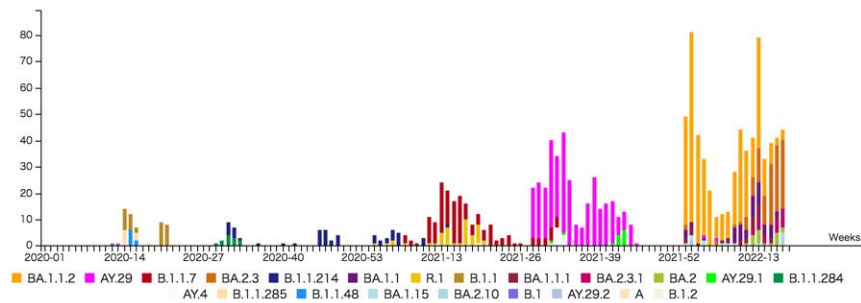
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 愛媛県

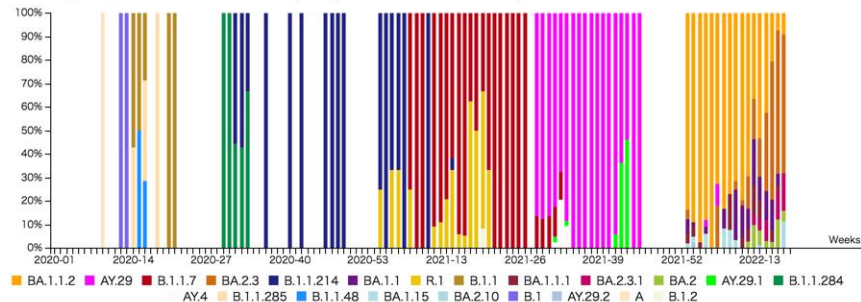
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

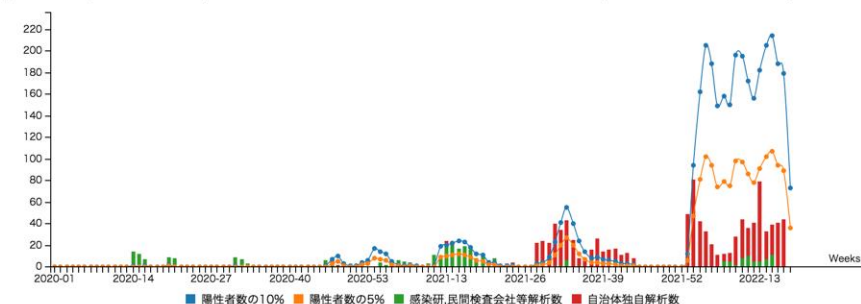
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Ehime] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

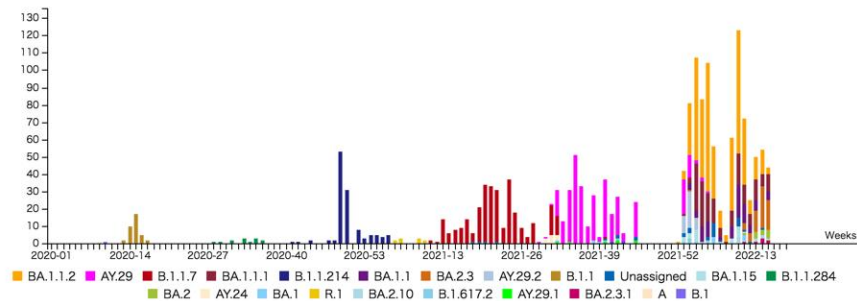
[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。

# 高知県

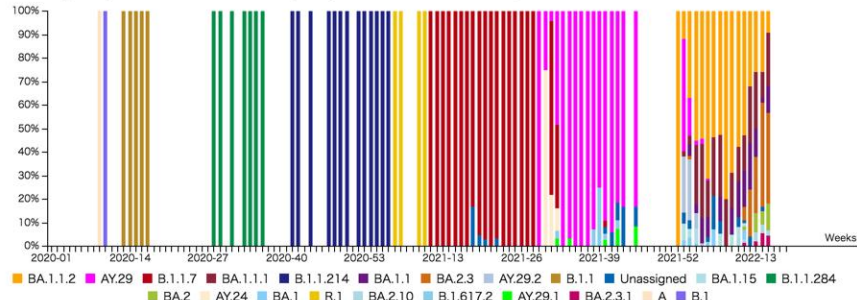
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

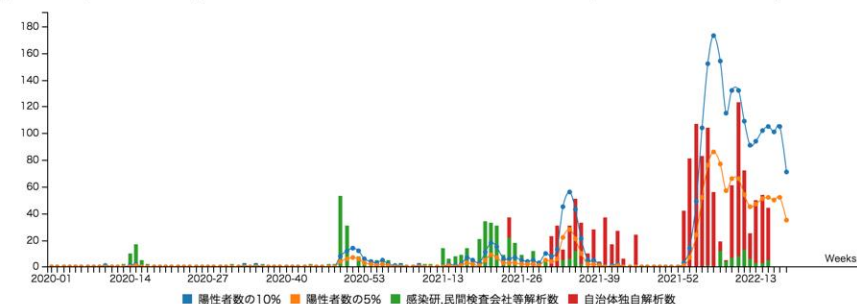
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Kochi] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



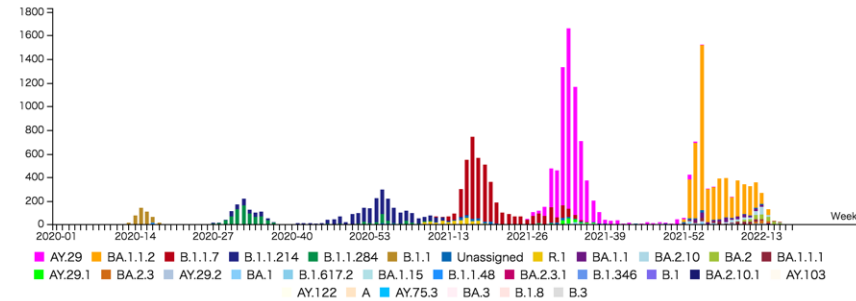
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 福岡県

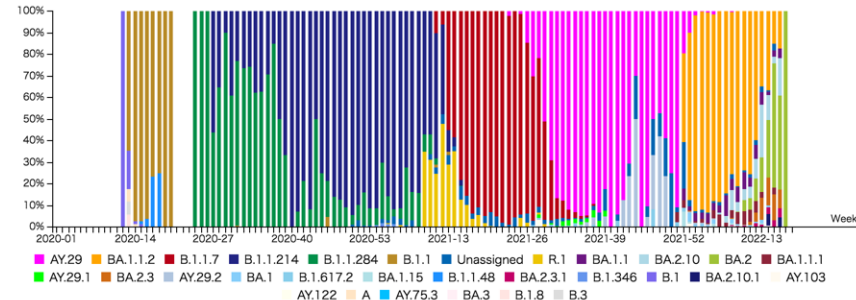
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

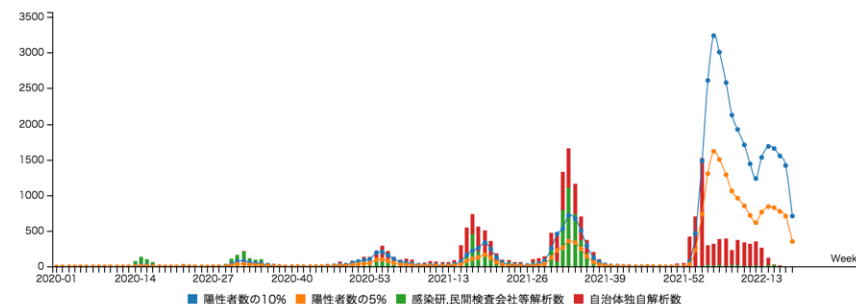
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Fukuoka] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

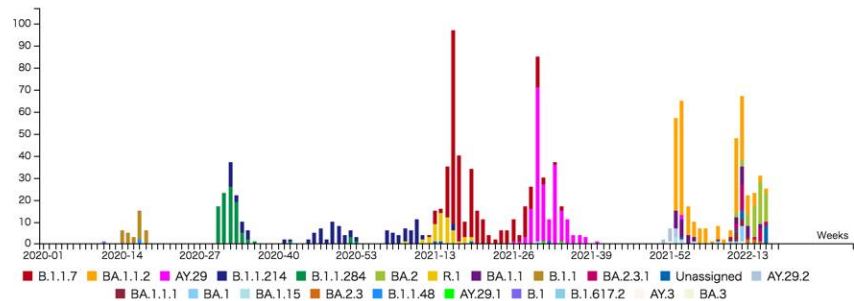
(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。



# 佐賀県

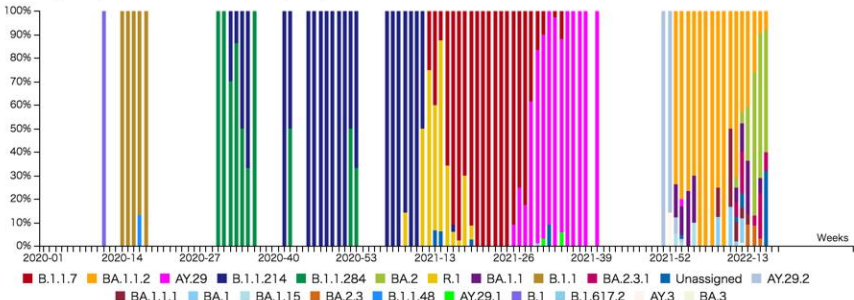
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

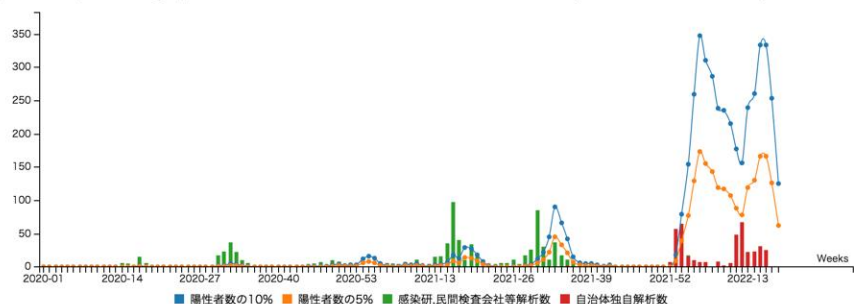
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Saga] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



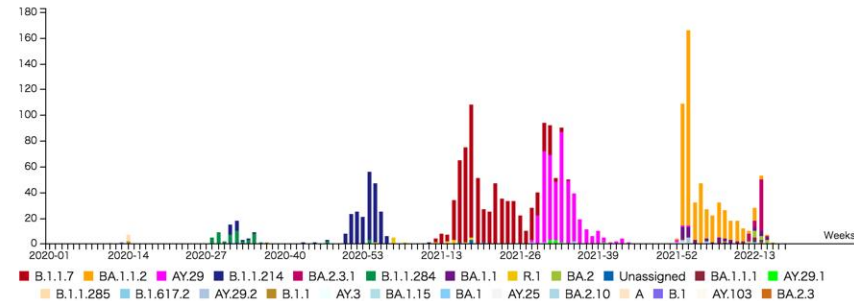
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 長崎県

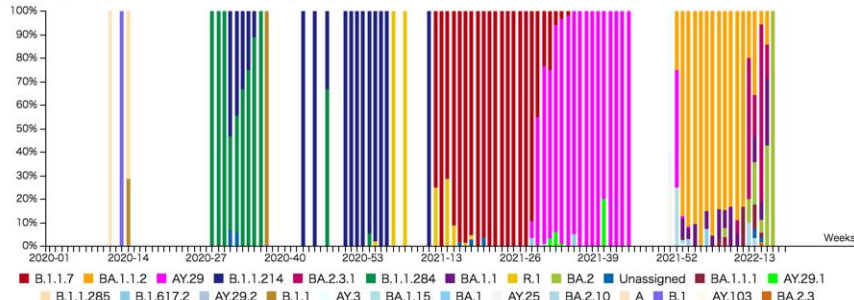
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

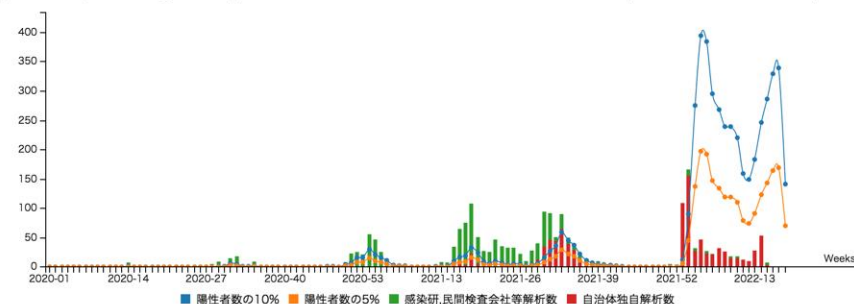
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Nagasaki] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



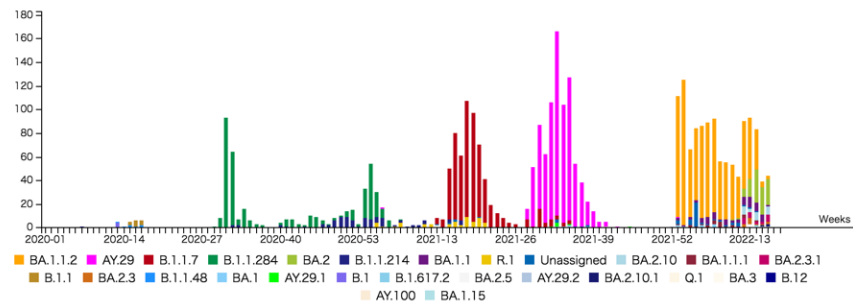
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 熊本県

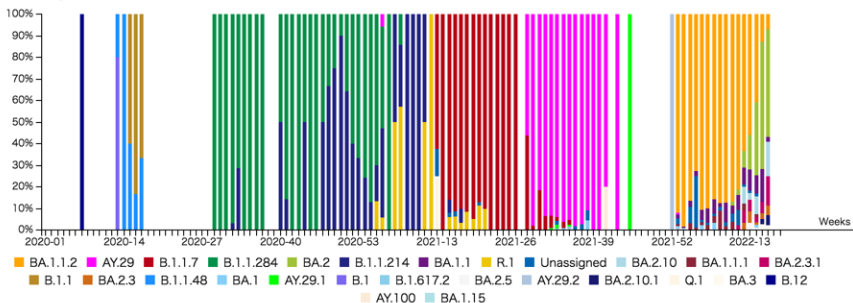
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

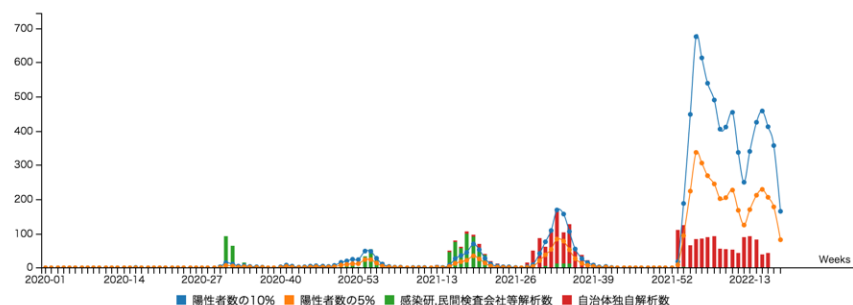
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

### [Asia/Japan/Kumamoto] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



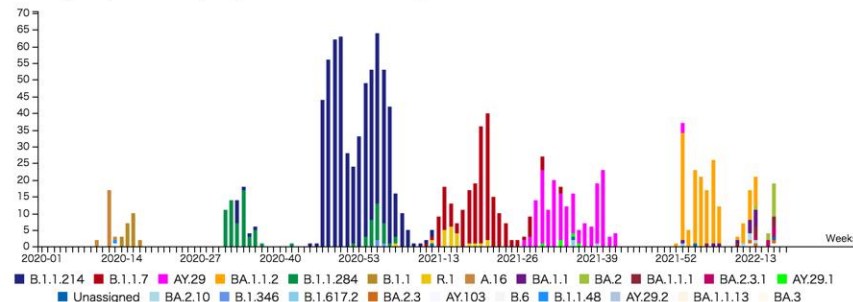
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 大分県

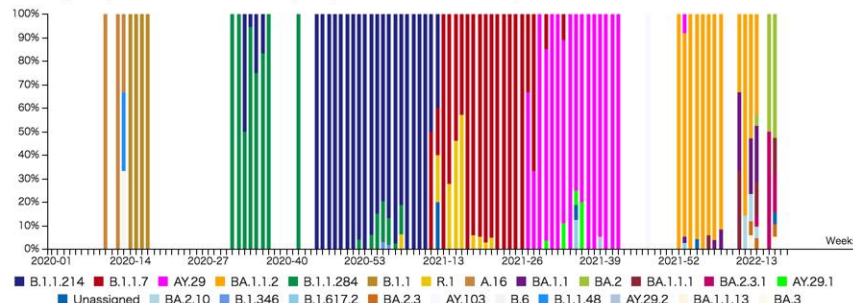
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

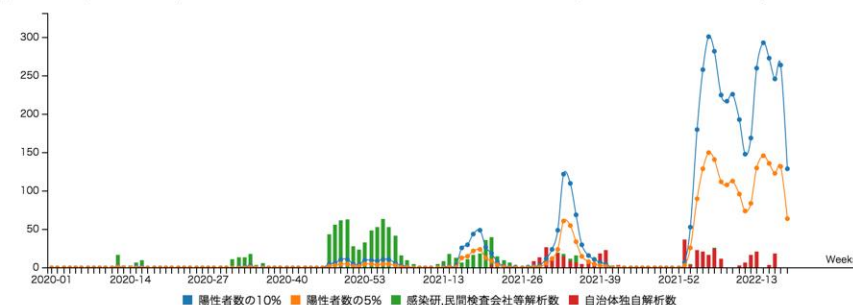
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

### [Asia/Japan/Oita] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

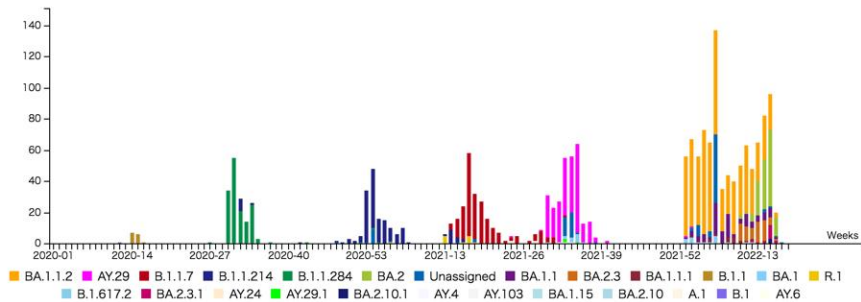
(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。



# 宮崎県

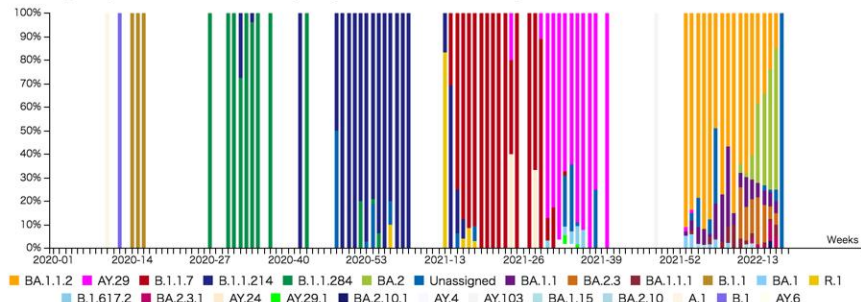
Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

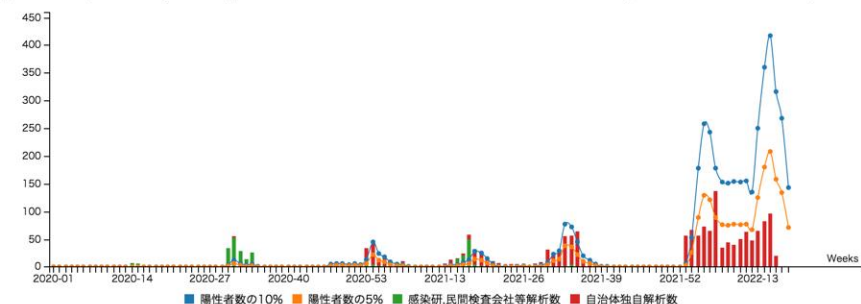
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

[Asia/Japan/Miyazaki] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



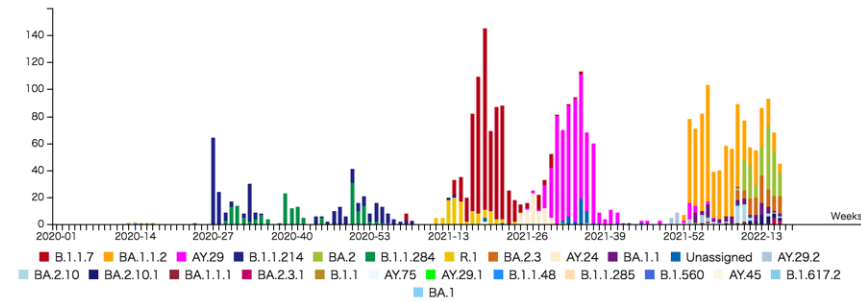
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 鹿児島県

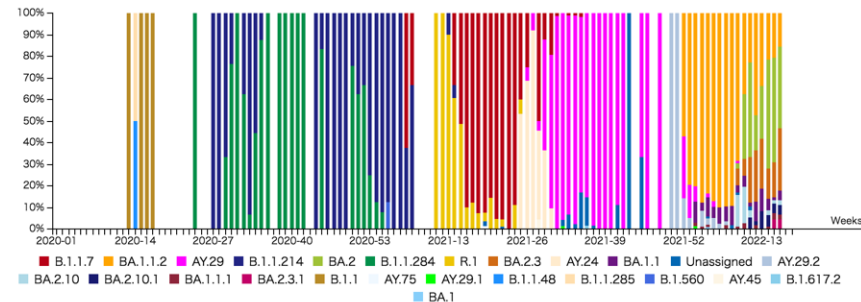
Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

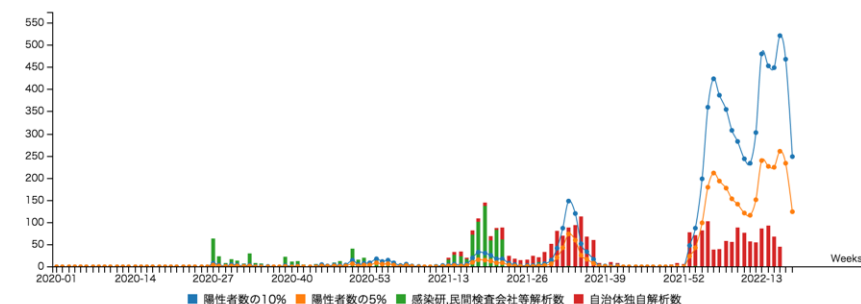
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

[Asia/Japan/Kagoshima] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



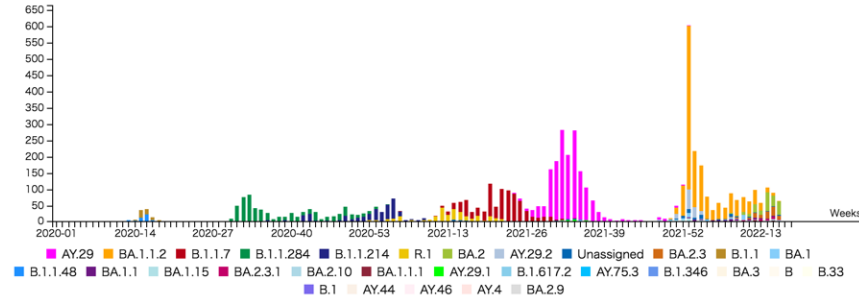
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 沖縄県

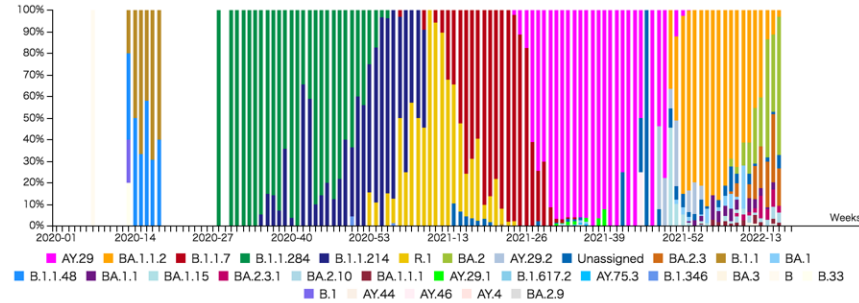
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

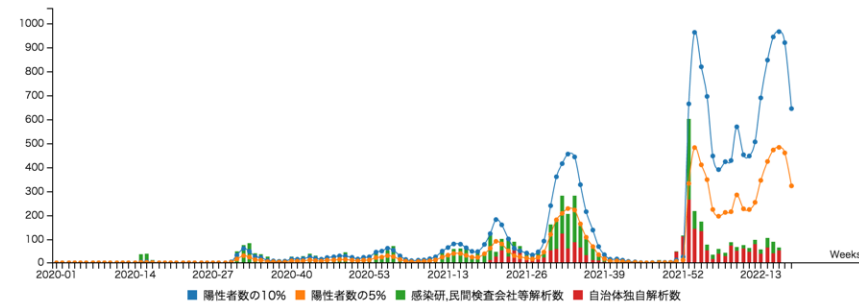
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

## [Asia/Japan/Okinawa] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。