

新型コロナウイルス感染症（変異株）への対応



厚生労働省 新型コロナウイルス感染症対策推進本部

Ministry of Health, Labour and Welfare

新型コロナウイルス感染症（変異株）のまとめ

一般的にウイルスは増殖や感染を繰り返す中で少しずつ変異していくものであり、新型コロナウイルスも約2週間で一箇所程度の速度で変異していると考えられている。

国立感染症研究所は、こうした変異をリスク分析し、その評価に応じて、変異株を「懸念される変異株（VOC）」と「注目すべき変異株（VOI）」に分類※1している。

1. 懸念される変異株（Variant of Concern : VOC）

主に感染性や重篤度が増す・ワクチン効果を弱めるなど性質が変化した可能性のある株

- B.1.1.7系統の変異株（アルファ株）※2
- B.1.351系統の変異株（ベータ株）
- P.1系統の変異株（ガンマ株）
- B.1.617.2系統の変異株（デルタ株）

2. 注目すべき変異株（Variant of Interest : VOI）

主に感染性や重篤度・ワクチン効果などに影響を与える可能性が示唆される株

- B.1.617.1系統の変異株（カッパ株）

※1 国立感染症研究所では、WHOと同様に、変異株をVOCとVOIに分類している。国内での検出状況等を加味することから、分類は各国によって異なる。※2 PANGO系統(pango lineage)は、新型コロナウイルスに関して用いられる国際的な系統分類命名法であり、変異株の呼称として広く用いられている。括弧内の変異株名は、WHOラベルである。

新型コロナウイルスの懸念される変異株（VOC）

PANGO系統 (WHOラベル)	最初の 検出	主な 変異	感染性 (従来株比)	重篤度 (従来株比)	再感染やワクチン 効果 (従来株比)
B.1.1.7系統の変異株 (アルファ株)	2020年9月 英国	N501Y	1.32倍と推定※ (5～7割程度 高い可能性)	1.4倍 (40-64歳 1.66倍) と推定※ (入院・死亡リスクが高い 可能性)	効果に影響がある 証拠なし
B.1.351 系統の変異株 (ベータ株)	2020年5月 南アフリカ	N501Y E484K	5割程度高い 可能性	入院時死亡リスク が高い可能性	効果を弱める 可能性
P.1系統の変異株 (ガンマ株)	2020年11月 ブラジル	N501Y E484K	1.4-2.2倍高い 可能性	入院リスクが高い 可能性	効果を弱める可能性 従来株感染者の再感染 事例の報告あり
B.1.617.2系統 の変異株 (デルタ株)	2020年10月 インド	L452R	高い可能性 (アルファ株の1.5倍 高い可能性)	入院リスクが高い 可能性	ワクチンと抗体医薬の 効果を弱める可能性

※感染性・重篤度は、国立感染症研究所等による日本国内症例の疫学的分析結果に基づくもの。ただし、重篤度について、本結果のみから変異株の重症度について結論づけることは困難。
 ※PANGO系統(PANGO Lineage)は、新型コロナウイルスに関して用いられる国際的な系統分類命名法であり、変異株の呼称として広く用いられている。括弧内の変異株名は、WHOラベルである。

新型コロナウイルスの注目すべき変異株（VOI）

PANGO系統 (WHOラベル)	最初の 検出	主な 変異	概要
B.1.617.1系統の変異株 (カッパ株)	2020年10月 インド	L452R E484Q	<ul style="list-style-type: none">感染性の増加と治療薬（抗体医薬）の効果への影響が示唆されている引き続き、ゲノムサーベイランスを通じて実態を把握

※件数は暫定値であり、その時点において最新のpango lineageを基に計上しているものであるため、再集計した際に数値が変動する可能性がある。

※PANGO系統(pango lineage)は、新型コロナウイルスに関して用いられる国際的な系統分類命名法であり、変異株の呼称として広く用いられている。括弧内の変異株名は、WHOラベルである。

国内におけるSARS-CoV-2のゲノム解析

累積:67,773 (8/30時点) (+2,428) 括弧内は8/23時点比

都道府県別・空港等検疫の累積：北海道2,427、青森県110、岩手県391、宮城県1,664、秋田県239、山形県290、福島県1,482、茨城県2,130、栃木県1,391、群馬県838、埼玉県3,584、千葉県3,243、東京都878、神奈川県2,616、新潟県985、富山県611、石川県1,188、福井県750、山梨県329、長野県1,304、岐阜県386、静岡県1,300、愛知県657、三重県1,243、滋賀県735、京都府1,505、大阪府2,456、兵庫県8,063、奈良県926、和歌山県1,651、鳥取県409、島根県503、岡山県698、広島県1,934、山口県1,603、徳島県236、香川県520、愛媛県348、高知県391、福岡県6,940、佐賀県599、長崎県680、熊本県1,110、大分県982、宮崎県312、鹿児島県1,361、沖縄県1,965、空港等検疫1,810

国立感染症研究所等における全ゲノム解析により確認されたVOCs, VOIs

(系統のみを特定できたものも含む) (8/30時点) 括弧内は8/23時点比

B.1.1.7系統の変異株 (アルファ株)	: 国内44,557例 (+1,457例)、検疫336例 (+0例)
B.1.351系統の変異株 (ベータ株)	: 国内24例 (+0例)、検疫92例 (+0例)
P.1系統の変異株 (ガンマ株)	: 国内94例 (+0例)、検疫28例 (+1例)
B.1.617.2系統の変異株 (デルタ株)	: 国内15,663例 (+3,799例)、検疫711例 (+66例)
B.1.617.1系統の変異株 (カッパ株)	: 国内7例 (+0例)、検疫19例 (+0例)

※件数は暫定値であり、その時点において最新のpango lineageを基に計上しているものであるため、再集計した際に数値が変動する可能性がある。
※デルタ株にはB.1.617.2系統と同等の変異を有する系統 (AY.1等) が含まれる。

L452R変異株PCR検査の陽性率（機械的な試算）速報値

8/23 - 8/29	新規陽性者数	合計（①+②）	①自治体			②民間検査機関		
		陽性率	実施件数	陽性者数	陽性率	実施件数	陽性者数	陽性率
北海道	3,116	83 %	1,020	809	79 %	1,100	961	87 %
宮城県	1,360	95 %	991	933	94 %	160	157	98 %
茨城県	1,899	90 %	560	517	92 %	467	412	88 %
栃木県	1,299	94 %	3	3	100 %	290	271	93 %
群馬県	1,774	95 %	156	153	98 %	544	510	94 %
埼玉県	10,566	95 %	277	247	89 %	4,940	4,696	95 %
千葉県	9,811	90 %	110	110	100 %	2,517	2,251	89 %
東京都	26,488	95 %	184	143	78 %	15,078	14,315	95 %
神奈川県	16,864	94 %	1,177	1,073	91 %	4,932	4,673	95 %
岐阜県	2,244	92 %	20	18	90 %	137	126	92 %
静岡県	3,794	93 %	285	263	92 %	726	679	94 %
愛知県	12,255	94 %	1,161	1,069	92 %	2,160	2,040	94 %
三重県	2,737	96 %	541	525	97 %	405	381	94 %
滋賀県	1,396	90 %	0	0	0 %	444	400	90 %
京都府	3,628	91 %	608	554	91 %	722	651	90 %
大阪府	17,408	87 %	3,787	3,194	84 %	2,833	2,550	90 %
兵庫県	6,736	91 %	1,266	1,156	91 %	1,190	1,085	91 %
岡山県	1,481	94 %	111	97	87 %	751	717	95 %
広島県	2,285	78 %	385	285	74 %	77	74	96 %
福岡県	6,766	91 %	170	127	75 %	1,192	1,108	93 %
沖縄県	4,446	94 %	152	135	89 %	470	452	96 %
全国	153,899	92 %	17,251	15,297	89 %	42,121	39,435	94 %

※1 各報告日時点の集計値を記載しているため、各自治体のホームページ等で公表されている数値と異なる場合がある。※2 速報値のため、今後、精査が必要な数字である。※3 一部の都道府県ではN501Y変異株PCR検査が陰性だった検体に対して、L452R変異株PCR検査を実施。※4 L452R変異があるイブシロン株、C.36系統など他の株を検出する可能性や一部検体を対象に実施したものであり、地域の感染状況の評価には注意が必要。

L452R変異株PCR検査の実施率・陽性率（機械的な試算）時系列

	8/2-8/8		8/9-8/15		8/16-8/22	8/23-8/29
	実施率	陽性率	実施率	陽性率	陽性率	陽性率
北海道	74 %	56 %	64 %	66 %	80 %	83 %
宮城県	46 %	81 %	39 %	90 %	93 %	95 %
茨城県	55 %	68 %	36 %	83 %	88 %	90 %
栃木県	55 %	79 %	38 %	75 %	85 %	94 %
群馬県	39 %	87 %	30 %	92 %	95 %	95 %
埼玉県	49 %	86 %	32 %	90 %	94 %	95 %
千葉県	38 %	84 %	28 %	90 %	89 %	90 %
東京都	54 %	88 %	46 %	91 %	93 %	95 %
神奈川県	37 %	83 %	29 %	89 %	92 %	94 %
岐阜県	15 %	63 %	16 %	67 %	84 %	92 %
静岡県	46 %	79 %	34 %	85 %	91 %	93 %
愛知県	32 %	66 %	29 %	83 %	90 %	94 %
三重県	35 %	82 %	51 %	88 %	95 %	96 %
滋賀県	26 %	71 %	31 %	79 %	80 %	90 %
京都府	40 %	70 %	53 %	79 %	81 %	91 %
大阪府	45 %	54 %	40 %	69 %	79 %	87 %
兵庫県	35 %	67 %	39 %	79 %	86 %	91 %
岡山県	48 %	75 %	30 %	80 %	88 %	94 %
広島県	30 %	56 %	28 %	71 %	82 %	78 %
福岡県	24 %	76 %	23 %	84 %	87 %	91 %
沖縄県	24 %	83 %	12 %	91 %	86 %	94 %
全国	45 %	79 %	37 %	85 %	89 %	92 %

※ 新型コロナウイルス感染症の積極的疫学調査における検体提出等について（要請）（令和3年8月19日一部改正厚生労働省健康局結核感染症課長通知）において、感染拡大地域であって、B.1.617.2系統の変異株（デルタ株）の陽性割合が高い（8割程度）自治体については例外的に、40%程度の変異株PCR検査実施率の維持を必須としない

L452R変異株PCR検査の実施状況 (8/23-8/29) 速報値 2021/9/6時点

	都道府県	新規陽性者数	実施件数 ①	陽性者数 ②	陽性率% ②/①
1	北海道	3,116	2,120	1,770	83
2	青森県	619	273	264	97
3	岩手県	253	47	42	89
4	宮城県	1,360	1,151	1,090	95
5	秋田県	206	133	130	98
6	山形県	258	108	101	94
7	福島県	626	385	351	91
8	茨城県	1,899	1,027	929	90
9	栃木県	1,299	293	274	94
10	群馬県	1,774	700	663	95
11	埼玉県	10,566	5,217	4,943	95
12	千葉県	9,811	2,627	2,361	90
13	東京都	26,488	15,262	14,458	95
14	神奈川県	16,864	6,109	5,746	94
15	新潟県	796	344	305	89
16	富山県	557	331	303	92
17	石川県	422	91	82	90
18	福井県	293	208	202	97
19	山梨県	502	217	170	78
20	長野県	678	306	286	93
21	岐阜県	2,244	157	144	92
22	静岡県	3,794	1,011	942	93
23	愛知県	12,255	3,321	3,109	94
24	三重県	2,737	946	906	96

	都道府県	新規陽性者数	実施件数 ①	陽性者数 ②	陽性率% ②/①
25	滋賀県	1,396	444	400	90
26	京都府	3,628	1,330	1,205	91
27	大阪府	17,408	6,620	5,744	87
28	兵庫県	6,736	2,456	2,241	91
29	奈良県	1,383	307	274	89
30	和歌山県	481	409	357	87
31	鳥取県	163	156	138	88
32	島根県	209	109	93	85
33	岡山県	1,481	862	814	94
34	広島県	2,285	462	359	78
35	山口県	481	290	268	92
36	徳島県	385	122	115	94
37	香川県	549	186	156	84
38	愛媛県	407	160	149	93
39	高知県	565	95	75	79
40	福岡県	6,766	1,362	1,235	91
41	佐賀県	663	36	34	94
42	長崎県	450	198	194	98
43	熊本県	1,572	137	134	98
44	大分県	1,102	2	0	0
45	宮崎県	723	134	123	92
46	鹿児島県	1,203	489	466	95
47	沖縄県	4,446	622	587	94
	全国	153,899	59,372	54,732	92%

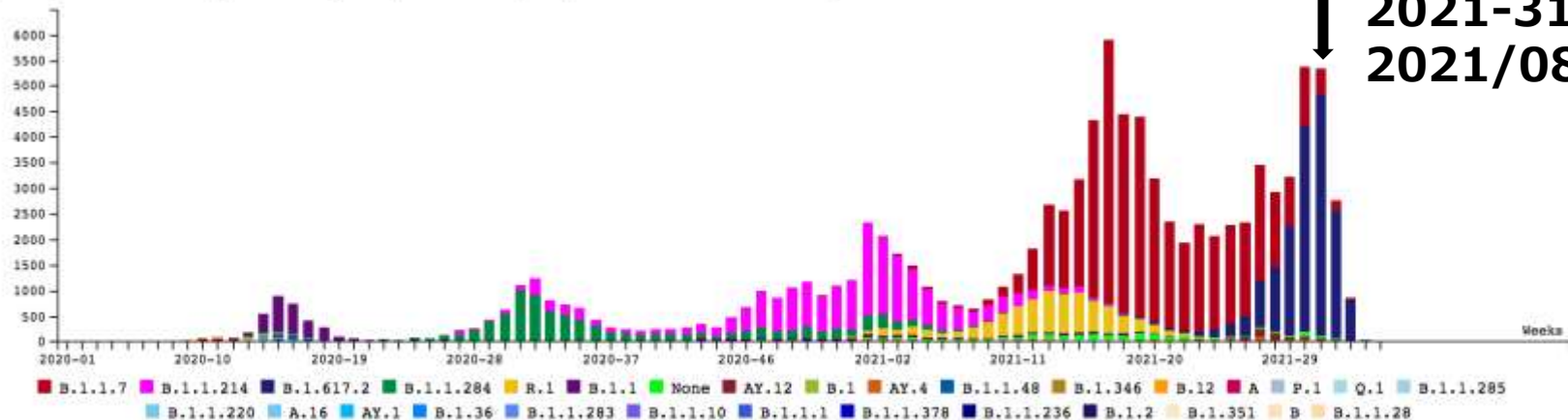
※1 各報告日時点の集計値を記載しているため、各自治体のホームページ等で公表されている数値と異なる場合がある。※2 速報値のため、今後、精査が必要な数字である。※3 一部の都道府県ではN501Y変異株PCR検査が陰性だった検体に対して、L452R変異株PCR検査を実施。※4 L452R変異があるイプシロン株、C.36系統など他の株を検出する可能性や一部検体を対象に実施したものであり、地域の感染状況の評価には注意が必要。

変異株スクリーニング検査の実施率・陽性率（機械的な試算）速報値
2021年9月6日時点

	8/2-8/8														8/9-8/15														8/16-8/22														8/23-8/29													
	① 新規感染 者数	② 変異株 PCR検査 実施件数 (ア+イ)	⑦ 自治体実 施件数	④ 民間検査 機関実施 件数	⑧/① 自治体実 施率	④/① 民間検査 機関実施 率	③ 変異株 PCR検査 陽性者(ウ +エ)	⑨ 自治体陽 性者	⑤ 民間検査 機関陽性 者	⑩/⑧ 自治体陽 性率	④/⑧ 民間検査 機関陽性 率	②/① 変異株 PCR検査 実施率	③/② 変異株 PCR検査 陽性率	① 新規感染 者数	② 変異株 PCR検査 実施件数 (ア+イ)	⑦ 自治体実 施件数	④ 民間検査 機関実施 件数	⑧/① 自治体実 施率	④/① 民間検査 機関実施 率	③ 変異株 PCR検査 陽性者(ウ +エ)	⑨ 自治体陽 性者	⑤ 民間検査 機関陽性 者	⑩/⑧ 自治体陽 性率	④/⑧ 民間検査 機関陽性 率	②/① 変異株 PCR検査 実施率	③/② 変異株 PCR検査 陽性率	① 新規感染 者数	② 変異株 PCR検査 実施件数 (ア+イ)	⑦ 自治体実 施件数	④ 民間検査 機関実施 件数	⑧/① 自治体実 施率	④/① 民間検査 機関実施 率	③ 変異株 PCR検査 陽性者(ウ +エ)	⑨ 自治体陽 性者	⑤ 民間検査 機関陽性 者	⑩/⑧ 自治体陽 性率	④/⑧ 民間検査 機関陽性 率	②/① 変異株 PCR検査 実施率	③/② 変異株 PCR検査 陽性率																	
北海道	2,074	1,534	858	676	41	33	862	501	361	58	53	74	56	2,787	1,797	1,002	795	36	29	1,181	635	546	63	69	64	66	3,568	2,261	1,190	1,071	33	30	1,806	947	859	80	80	63	80	3,116	2,120	1,020	1,100	33	35	1,770	809	961	79	87	68	83				
青森県	160	44	26	18	16	11	42	26	16	100	89	28	95	268	114	101	13	38	5	103	91	12	90	92	43	90	462	120	76	44	16	10	117	75	42	99	95	26	98	619	273	154	119	264	150	114	97	96	44	97						
岩手県	155	25	22	3	14	2	17	15	2	68	67	16	68	262	40	39	1	15	0	27	26	1	67	100	15	68	270	80	75	5	28	2	69	65	4	87	80	30	86	253	47	43	4	25	2	42	38	4	88	100	19	89				
宮城県	616	284	254	30	41	5	230	207	23	81	77	46	81	1,038	406	378	28	36	3	367	341	26	90	93	39	90	1,548	852	723	129	47	8	794	671	123	93	95	55	93	1,360	1,151	991	160	73	12	1,090	933	157	94	98	85	95				
秋田県	66	56	54	2	82	3	44	43	1	80	50	85	79	98	74	70	4	71	4	71	68	3	97	75	76	96	206	129	121	8	59	4	118	110	8	91	100	63	91	206	133	126	7	61	3	130	124	6	98	86	65	98				
山形県	206	97	76	21	37	10	69	51	18	67	86	47	71	189	109	98	11	52	6	87	76	11	78	100	58	80	319	109	87	22	27	7	95	74	21	85	95	34	87	258	108	70	38	27	15	101	64	37	91	97	42	94				
福島県	649	503	428	75	66	12	368	309	59	72	79	78	73	811	399	363	36	45	4	345	317	28	87	78	49	86	686	452	338	114	49	17	401	297	104	88	91	66	89	626	385	310	75	50	12	351	279	72	90	96	62	91				
茨城県	1,682	925	553	372	33	22	633	366	267	66	72	55	68	1,858	674	437	237	24	13	558	364	194	83	82	36	83	2,144	915	509	406	24	19	806	438	368	86	91	43	88	1,899	1,027	560	467	29	25	929	517	412	92	88	54	90				
栃木県	927	507	334	173	36	19	403	252	151	75	87	55	79	1,014	381	269	112	27	11	285	185	100	69	89	38	75	1,427	291	144	147	10	10	247	111	136	77	93	20	85	1,299	293	3	290	0	22	274	3	271	100	93	23	94				
群馬県	969	381	129	252	13	26	331	107	224	83	89	39	87	1,179	351	68	283	6	24	322	63	259	93	92	30	92	1,918	555	160	395	8	21	530	153	377	96	95	29	95	1,774	700	156	544	9	31	663	153	510	98	94	39	95				
埼玉県	8,284	4,032	198	3,834	2	46	3,461	170	3,291	86	86	49	86	10,350	3,345	199	3,146	2	30	3,013	178	2,835	89	90	32	90	11,950	4,808	271	4,537	2	38	4,508	247	4,261	91	94	40	94	10,566	5,217	277	4,940	3	47	4,943	247	4,696	89	95	49	95				
千葉県	6,470	2,445	551	1,894	9	29	2,057	460	1,597	83	84	38	84	7,539	2,140	405	1,735	5	23	1,929	387	1,542	96	89	28	90	10,799	2,425	257	2,168	2	20	2,165	251	1,914	98	88	22	89	9,811	2,627	110	2,517	1	26	2,361	110	2,251	100	89	27	90				
東京都	28,259	15,283	247	15,036	1	53	13,436	169	13,267	68	88	54	88	29,847	13,757	325	13,432	1	45	12,540	240	12,300	74	92	46	91	33,130	16,461	273	16,188	1	49	15,381	218	15,163	80	94	50	93	26,488	15,262	184	15,078	1	57	14,458	143	14,315	78	95	58	95				
神奈川県	12,148	4,545	942	3,603	8	30	3,786	771	3,015	82	84	37	83	13,824	3,960	950	3,010	7	22	3,524	835	2,689	88	89	29	89	17,069	6,037	1,420	4,617	8	27	5,582	1,314	4,268	93	92	35	92	16,864	6,109	1,177	4,932	7	29	5,746	1,073	4,673	91	95	36	94				
新潟県	485	224	209	15	43	3	184	172	12	82	80	46	82	611	375	363	12	59	2	338	326	12	90	100	61	90	694	289	278	11	40	2	236	225	11	81	100	42	82	796	344	327	17	41	2	305	290	15	89	88	43	89				
富山県	274	177	172	5	63	2	110	106	4	62	80	65	62	378	195	194	1	51	0	160	159	1	82	100	52	82	777	312	301	11	39	1	276	265	11	88	100	40	88	557	331	307	24	55	4	303	279	24	91	100	59	92				
石川県	547	296	280	16	51	3	197	182	15	65	94	54	67	531	260	249	11	47	2	201	193	8	78	73	49	77	501	250	245	5	49	1	223	218	5	89	100	50	89	422	91	77	14	18	3	82	68	14	88	100	22	90				
福井県	220	164	72	92	33	42	127	45	82	63	89	75	77	163	172	99	73	61	45	144	82	62	83	85	106	84	209	154	87	67	42	32	148	85	63	98	94	74	96	293	208	118	90	40	31	202	114	88	97	98	71	97				
山梨県	405	151	129	22	32	5	123	105	18	81	82	37	81	414	150	133	17	32	4	120	109	11	82	65	36	80	599	111	89	22	15	4	95	77	18	87	82	19	86	502	217	179	38	36	8	170	133	37	74	97	43	78				
長野県	355	167	142	25	40	7	139	116	23	82	92	47	83	547	198	164	34	30	6	175	144	31	88	91	36	88	863	289	255	34	30	4	248	219	29	86	85	33	86	678	306	245	61	36	9	286	229	57	93	93	45	93				
岐阜県	331	51	35	16	11	5	32	23	9	66	56	15	63	747	123	103	20	14	3	83	64	19	62	95	16	67	2,031	104	20	84	1	4	87	16	71	80	85	5	84	2,244	157	20	137	1	6	144	18	126	90	92	7	92				
静岡県	1,280	586	442	144	35	11	464	350	114	79	79	46	79	2,073	697	494	203	24	10	593	428	165	87	81	34	85	3,679	1,018	588	430	16	12	927	534	393	91	91	28	91	3,794	1,011	285	726	8	19	942	263	679	92	94	27	93				
愛知県	2,366	762	369	393	16	17	502	265	237	72	60	32	66	3,679	1,063	617	446	17	12	879	523	356	85	80	29	83	7,980	1,815	795	1,020	10	13	1,626	743	883	93	87	23	90	12,255	3,321	1,161	2,160	9	18	3,109	1,069	2,040	92	94	27	94				
三重県	483	169	131	38	27	8	138	108	30	82	79	35	82	795	407	319	88	40	11	360	285	75	89	85	51	88	2,150	737	596	141	28	7	703	571	132	96	94	34	95	2,737	946	541	405	20	15	906	525	381	97	94	35	96				
滋賀県	611	158	0	158	0	26	112	0	112	-	71	26	71	934	294	0	294	0	31	233	0	233	-	79	31	79	1,32																													

国内 新型コロナゲノムの PANGO lineage 変遷（2021/09/03 現在）

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

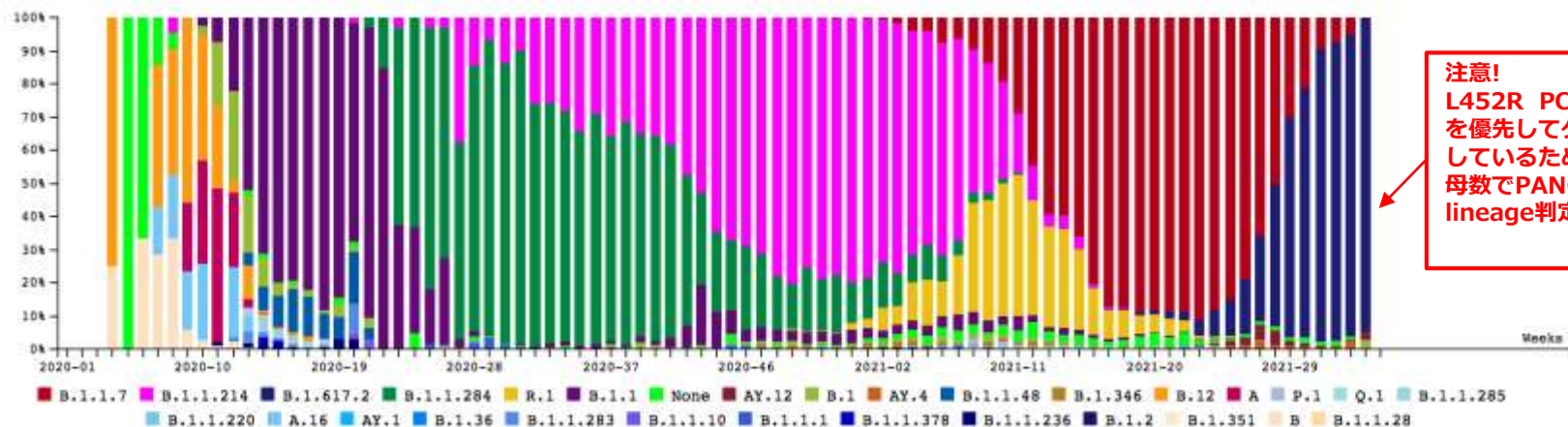


2021-31週
2021/08/02 - 08/08

None: 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)



注意!
L452R PCR陽性検体を優先してゲノム解読しているため、正確な母数でPANGO lineage判定できない。

None: 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)

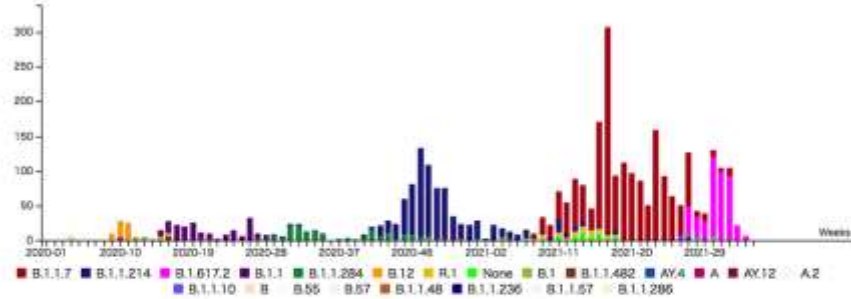
2021-31	
B.1.1.7	506
B.1.1.214	0
B.1.617.2	4711
B.1.1.284	0
R.1	0
B.1.1	0
None	61
AY.12	30
B.1	0
AY.4	23
B.1.1.48	0
B.1.346	0
B.12	0
A	1
P.1	0
Q.1	1

※その他の株は検出されていない。

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。

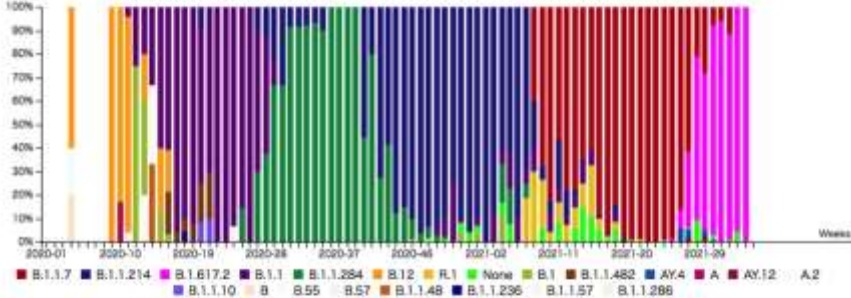
北海道

Weekly Top 30 Graph (count each week)



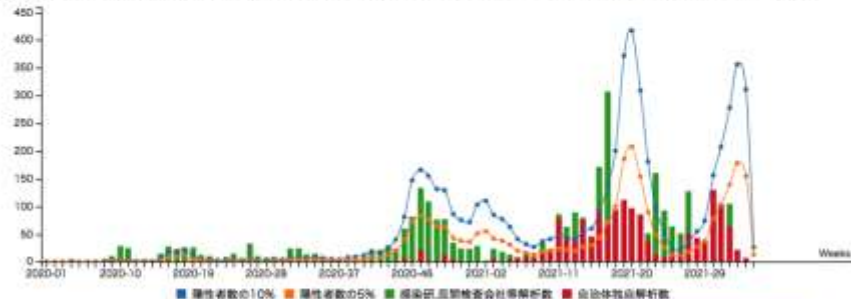
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

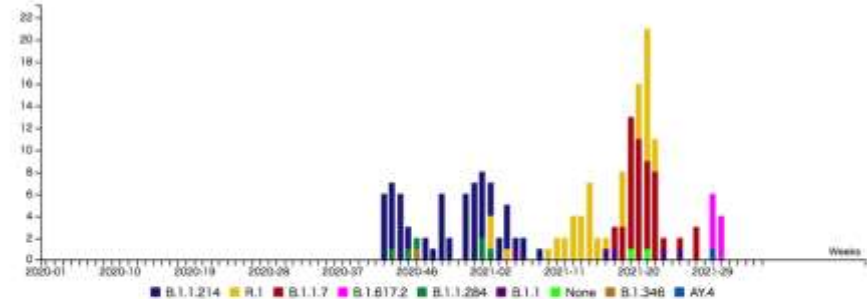
[Asia/Japan/Hokkaido] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症研での解析分、自治体での解析分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解析分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

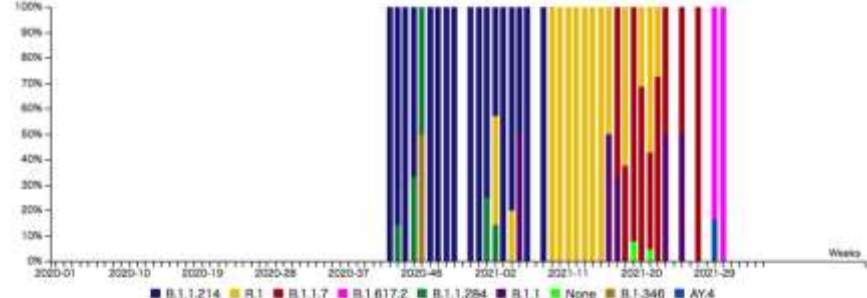
青森県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



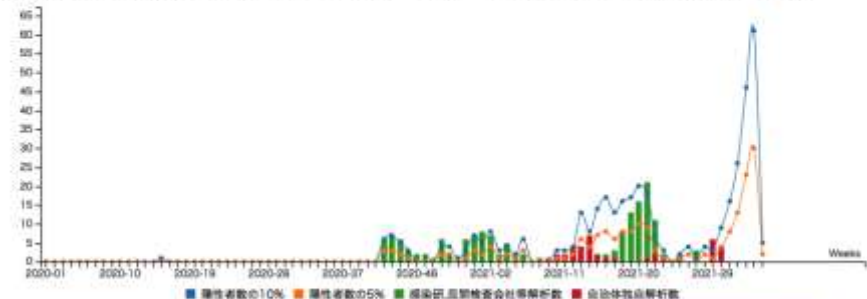
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

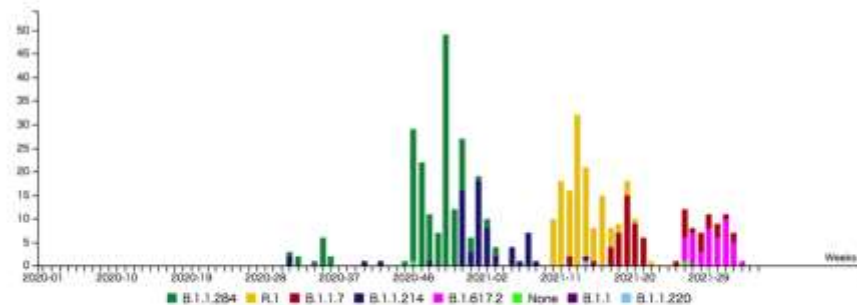
[Asia/Japan/Aomori] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症研での解析分、自治体での解析分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解析分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

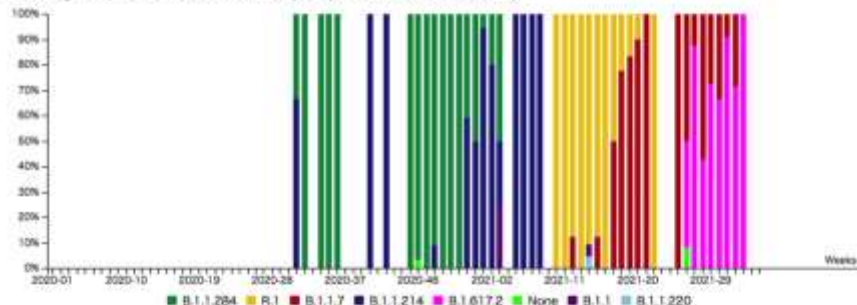
岩手県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



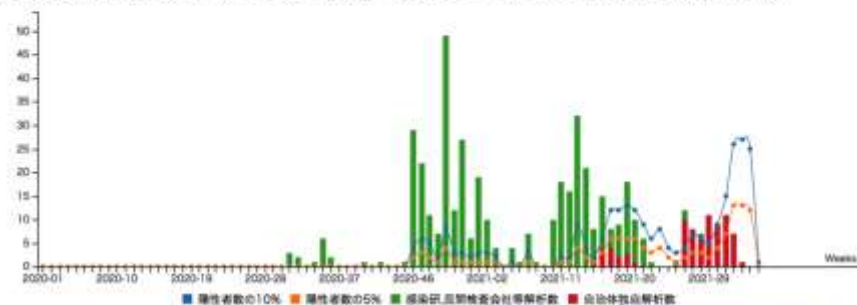
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

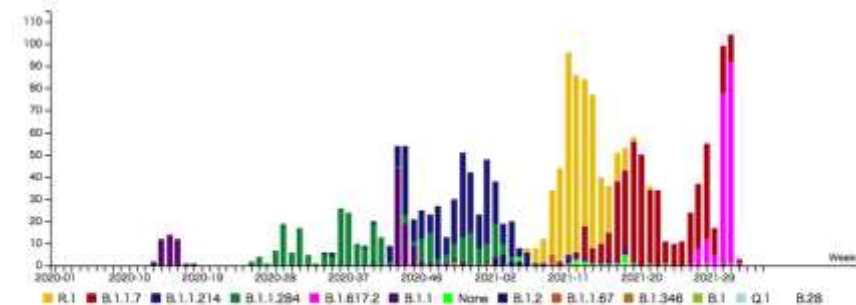
[Asia/Japan/Iwate] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

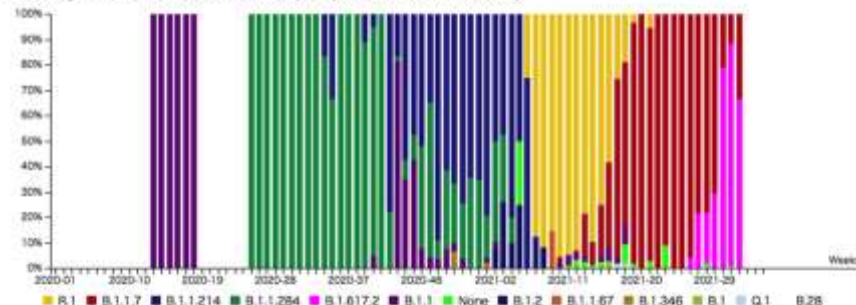
宮城県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



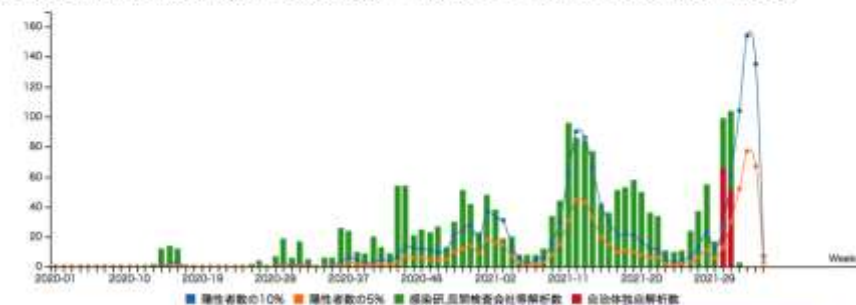
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

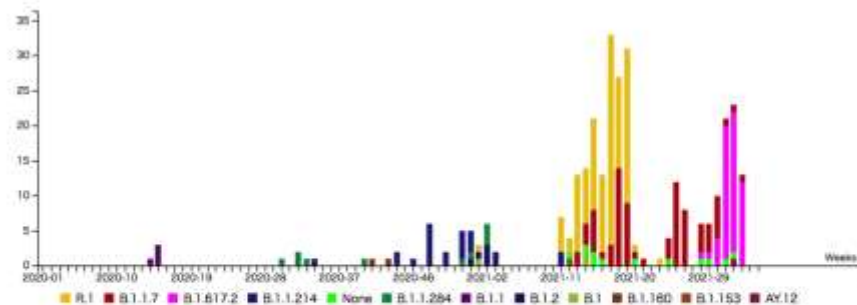
[Asia/Japan/Miyagi] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

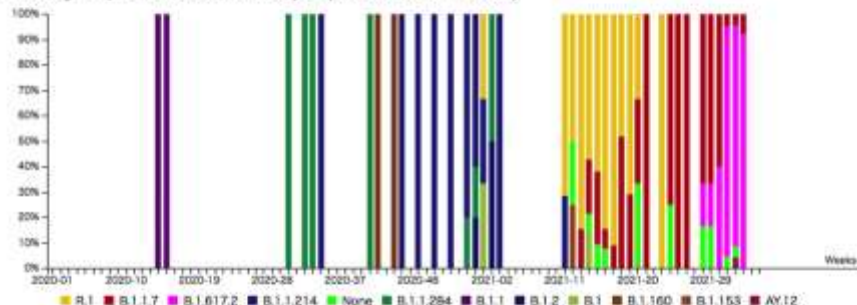
秋田県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



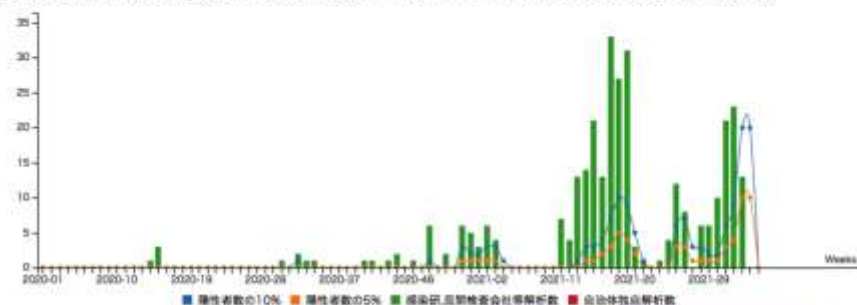
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

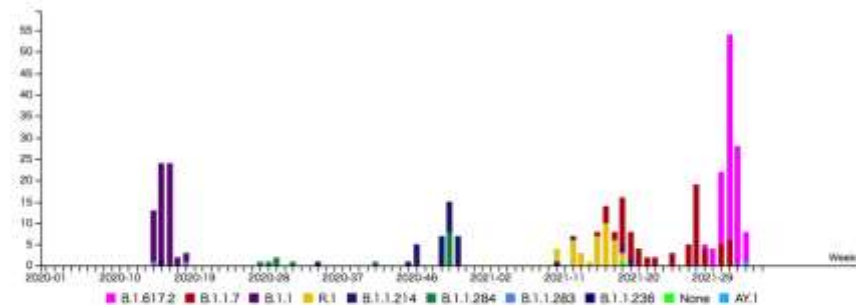
[Asia/Japan/Akita] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症研での解読分、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。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

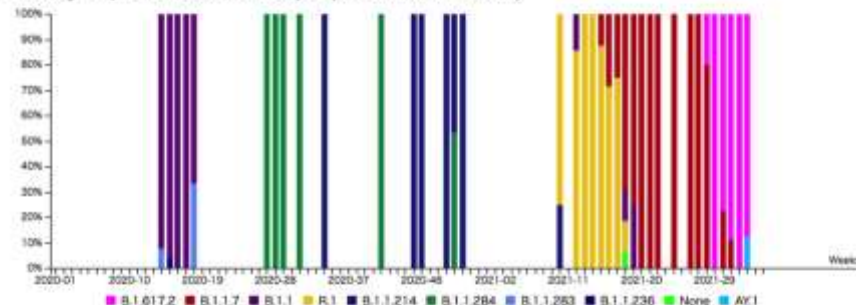
山形県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



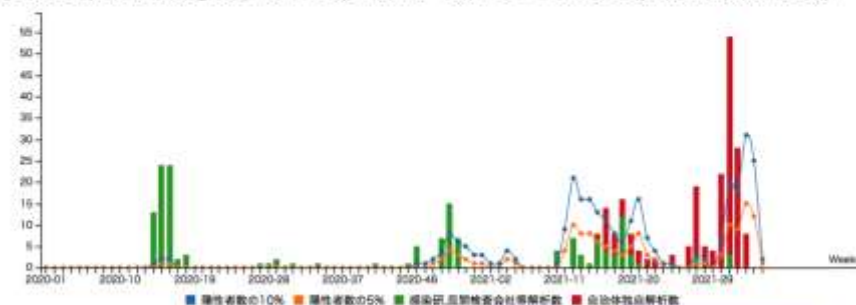
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

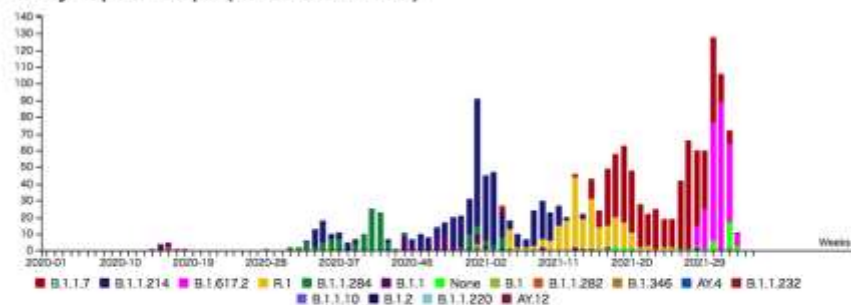
[Asia/Japan/Yamagata] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症研での解読分、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。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

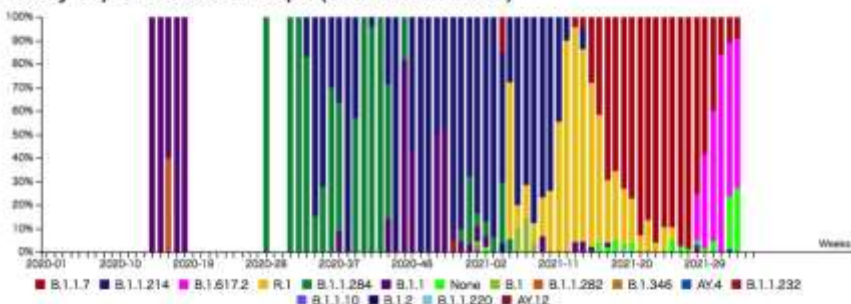
福島県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



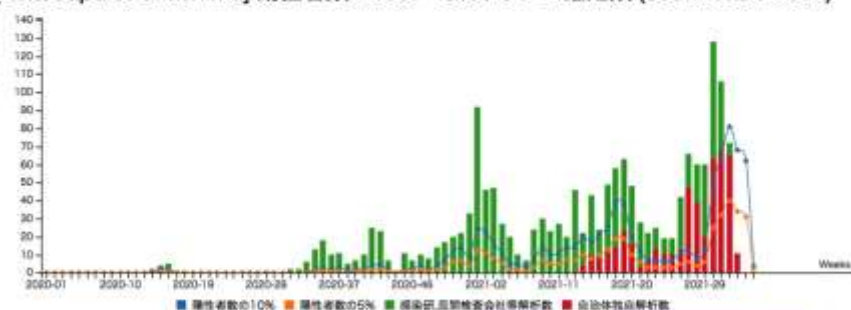
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

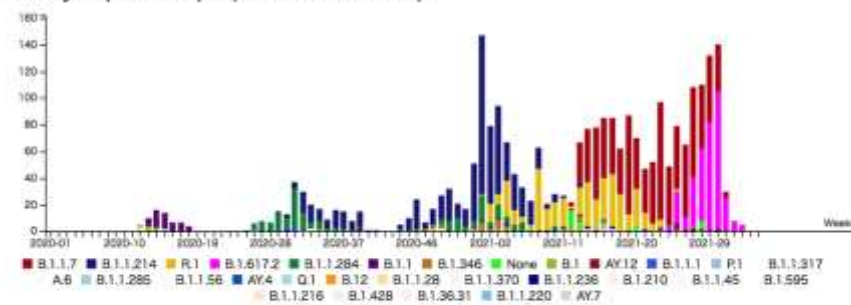
[Asia/Japan/Fukushima] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染患者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>
 [ゲノム確定数の計算] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

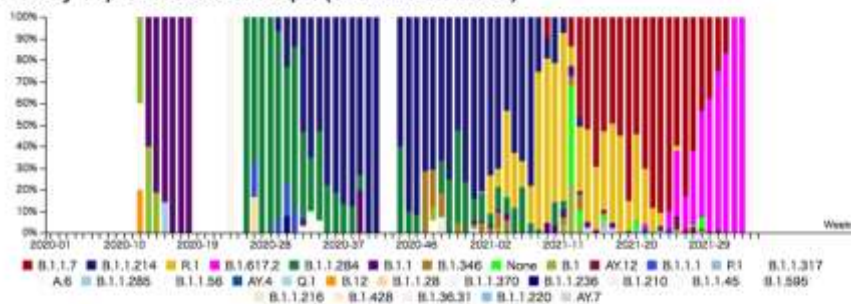
茨城県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



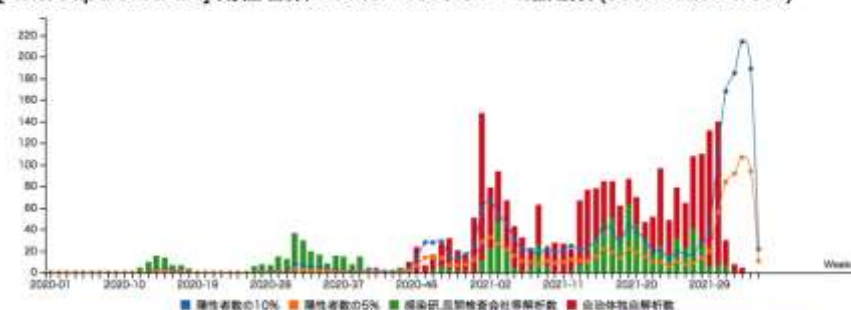
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

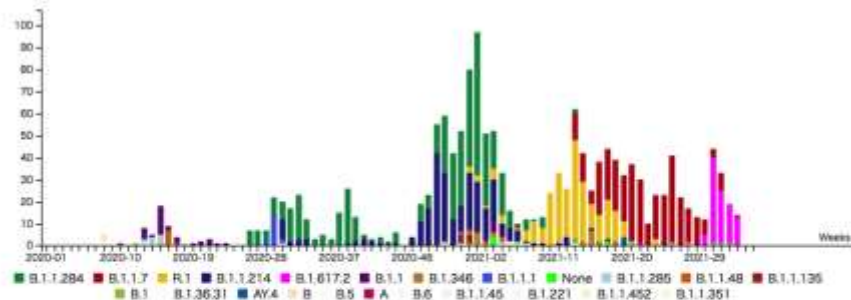
[Asia/Japan/Ibaraki] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染患者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>
 [ゲノム確定数の計算] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

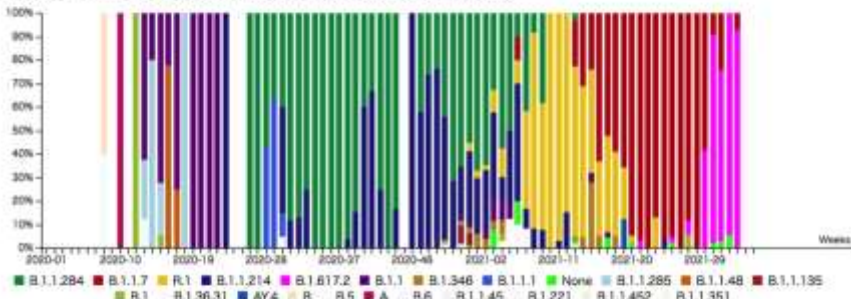
栃木県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



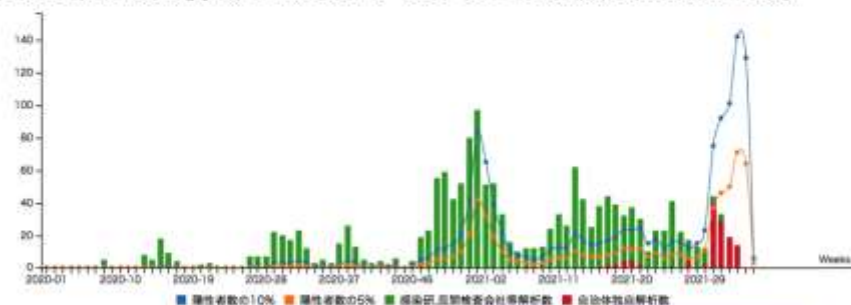
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

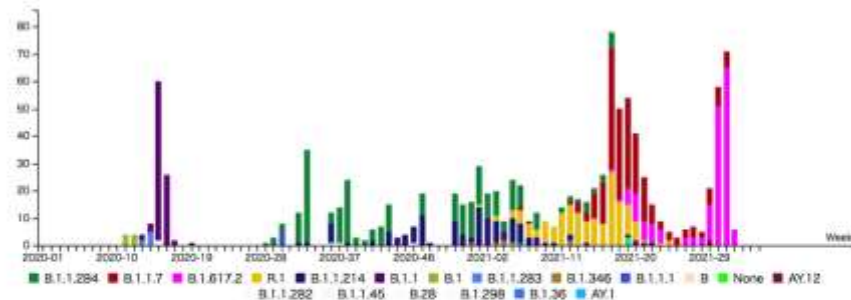
[Asia/Japan/Tochigi] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症研での解読分、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。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

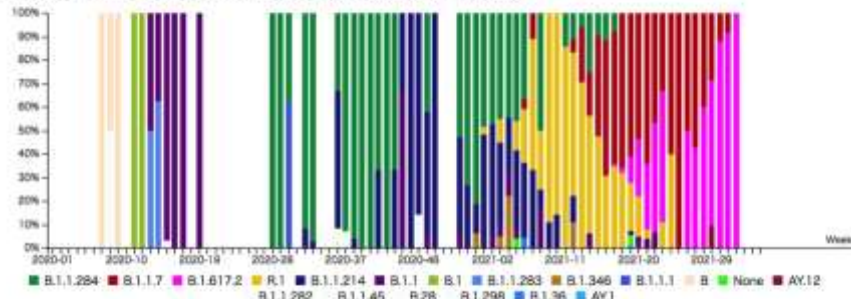
群馬県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



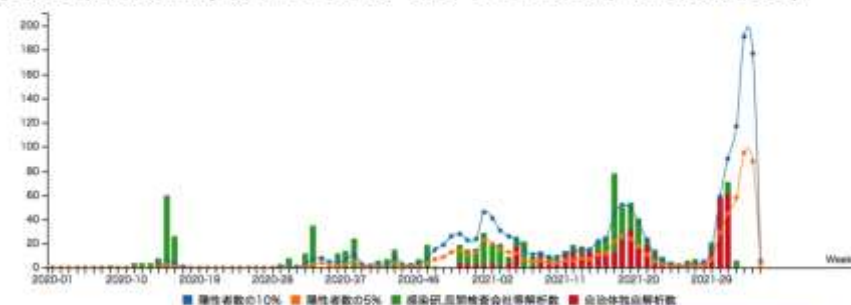
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

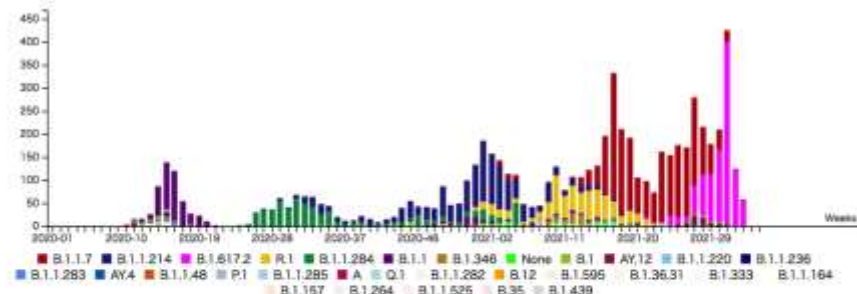
[Asia/Japan/Gunma] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症研での解読分、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。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

埼玉県

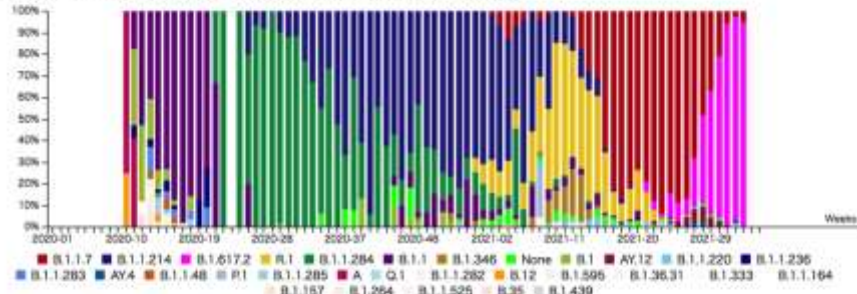
Weekly Top 30 Graph (count each week)



None: 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)

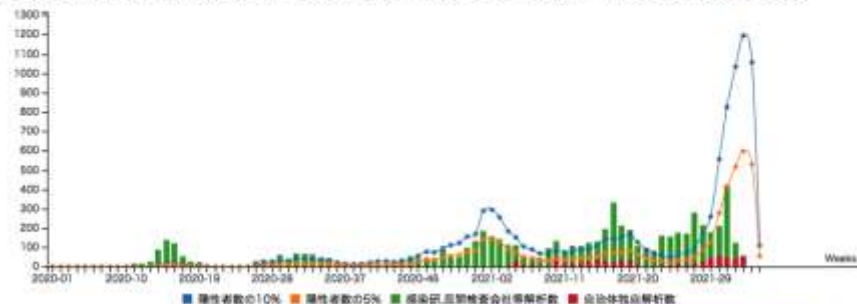
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)



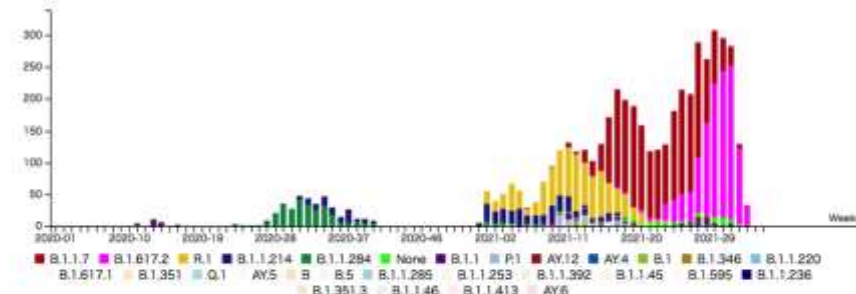
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

千葉県

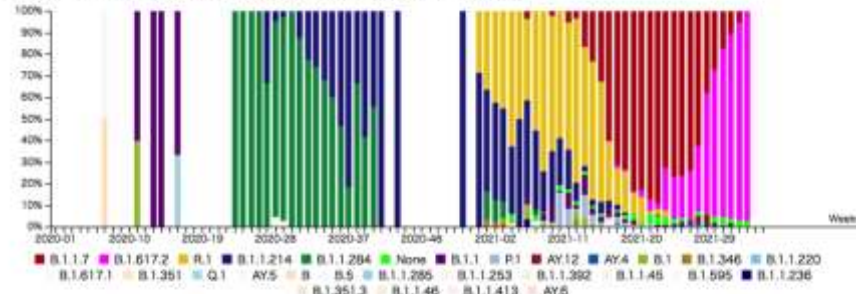
Weekly Top 30 Graph (count each week)



None: 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)

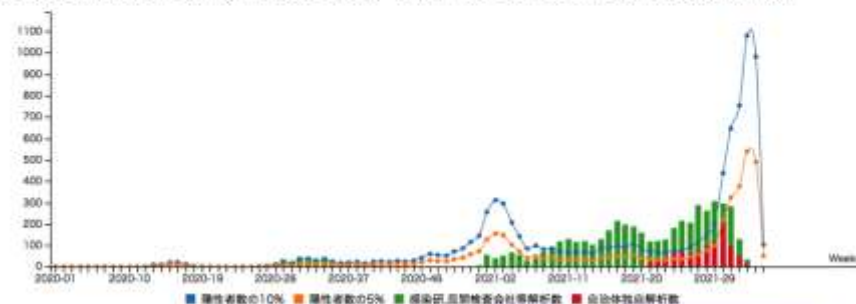
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)



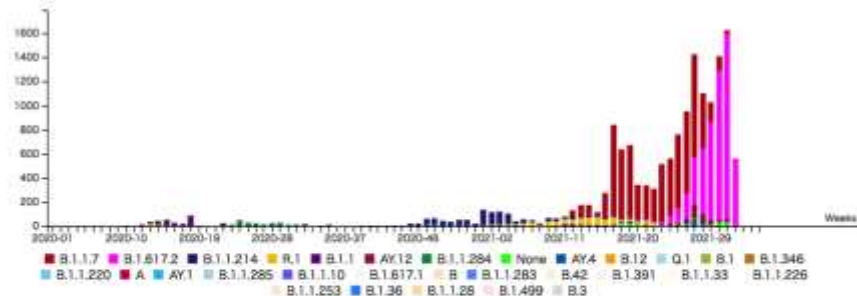
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

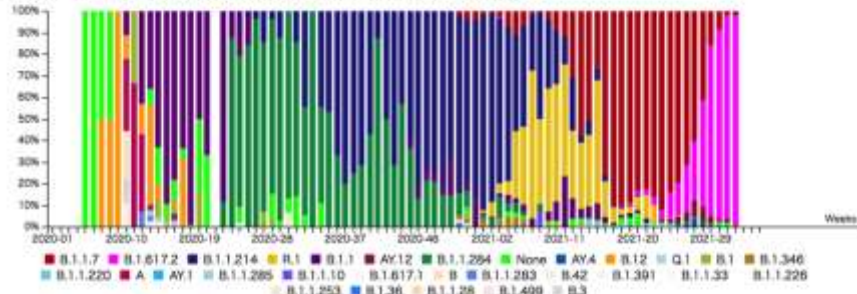
東京都

Weekly Top 30 Graph (count each week)



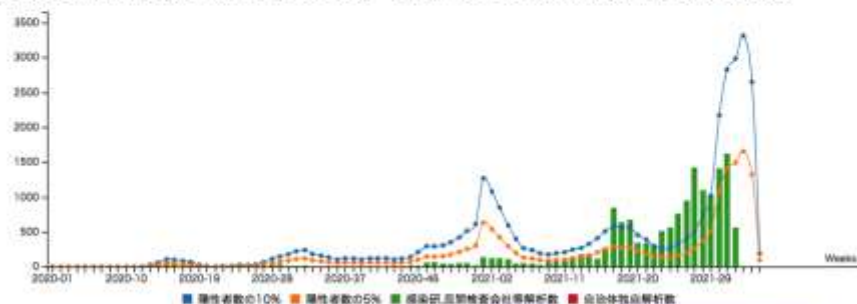
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

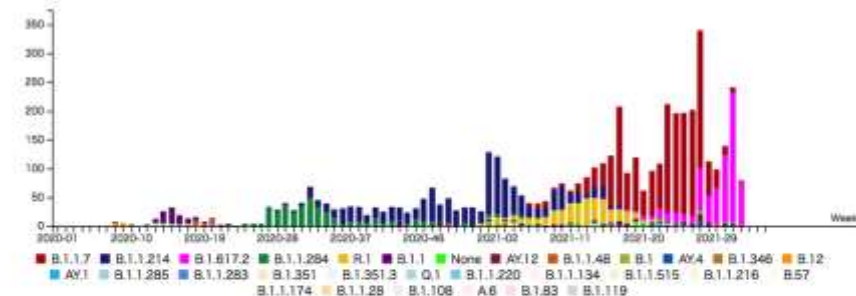
[Asia/Japan/Tokyo] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症での解析分、自治体での解析分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解析分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

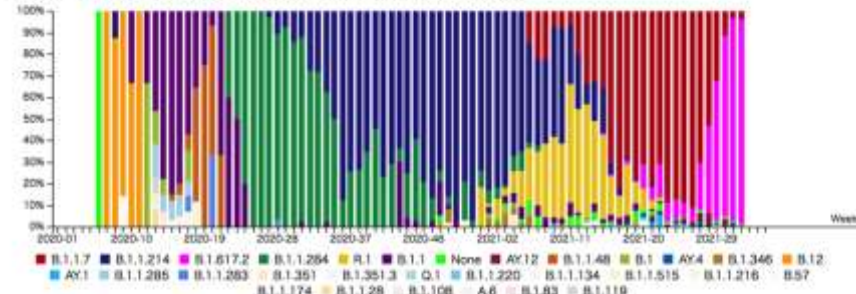
神奈川県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



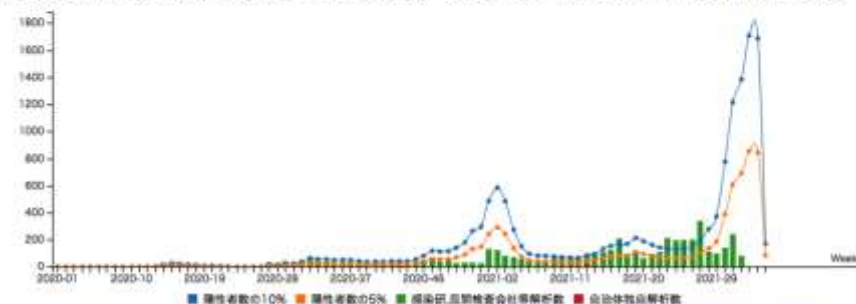
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

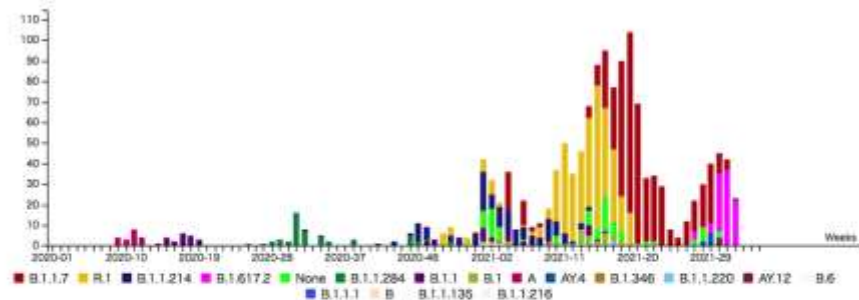
[Asia/Japan/Kanagawa] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症での解析分、自治体での解析分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解析分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

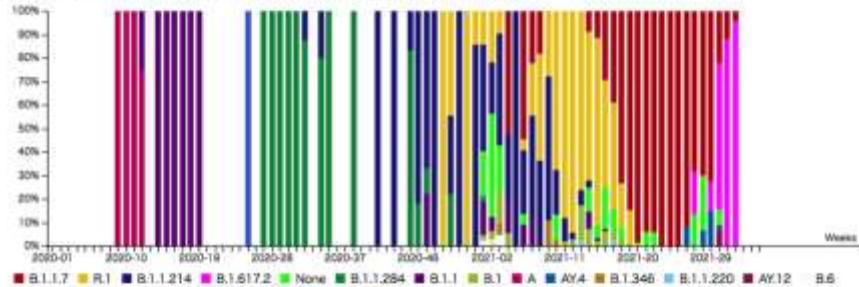
新潟県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



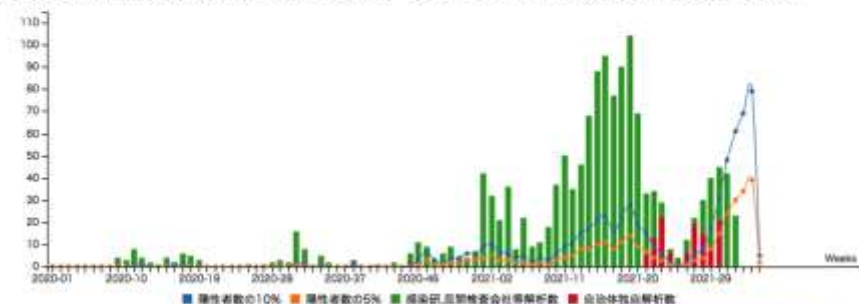
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

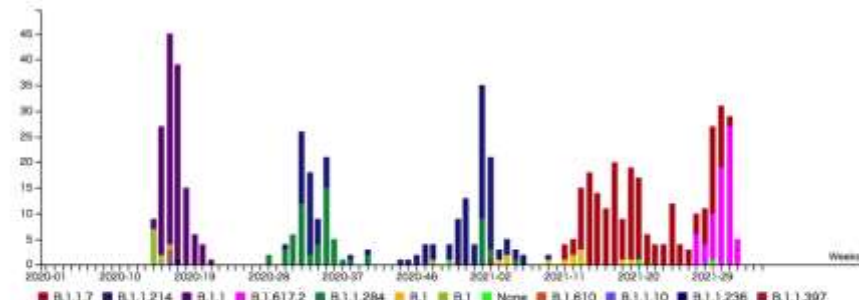
[Asia/Japan/Niigata] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

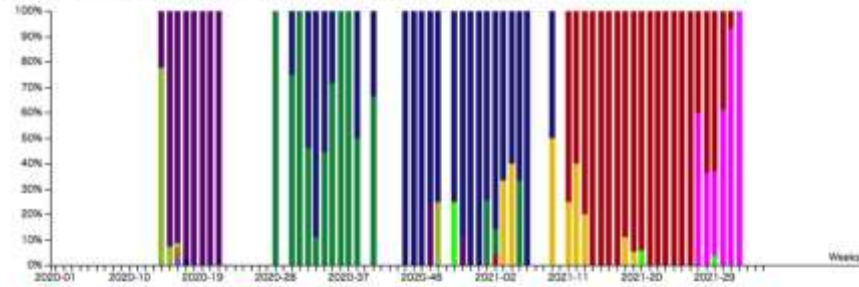
富山県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



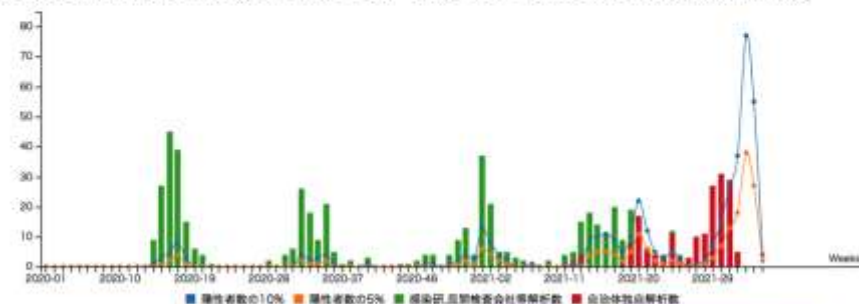
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

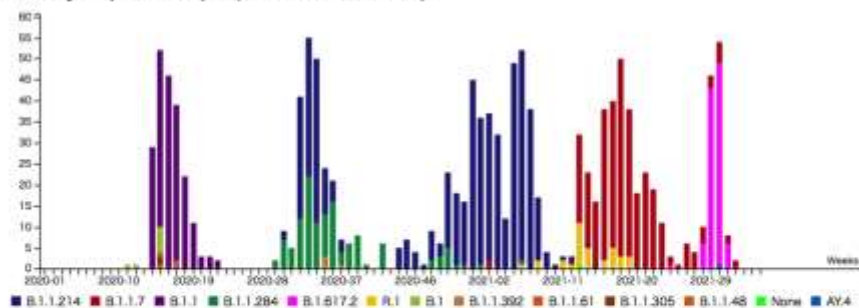
[Asia/Japan/Toyama] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

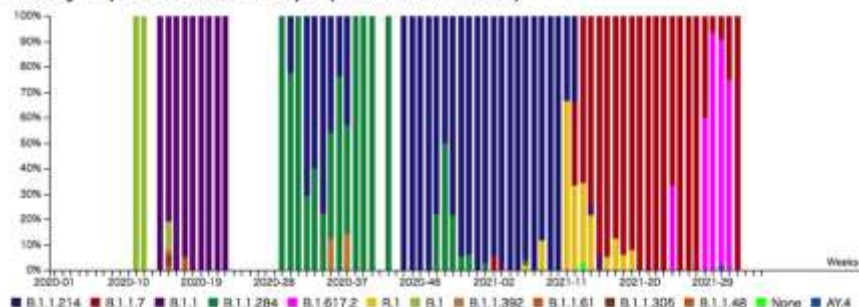
石川県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



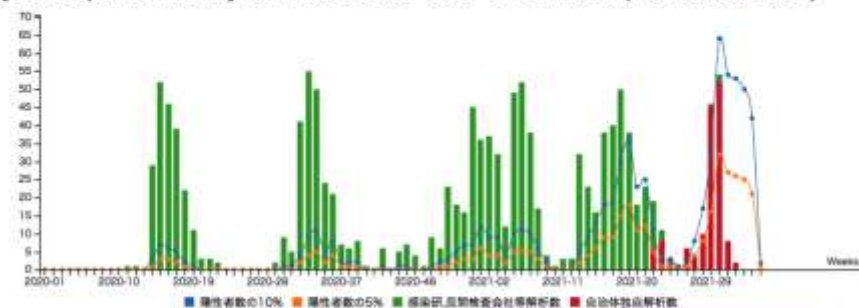
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

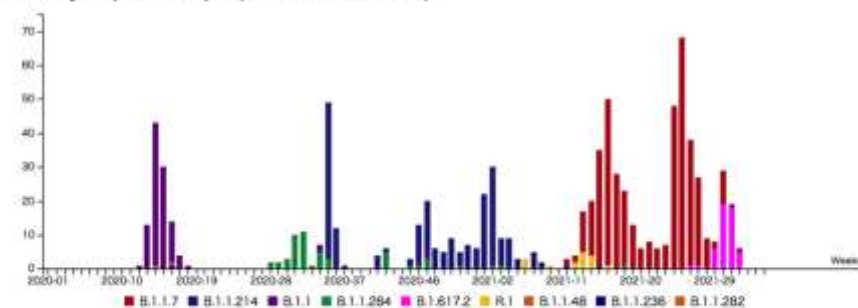
[Asia/Japan/Ishikawa] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染患者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>
 [ゲノム確定数の計算] 感染症研での解読分、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。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

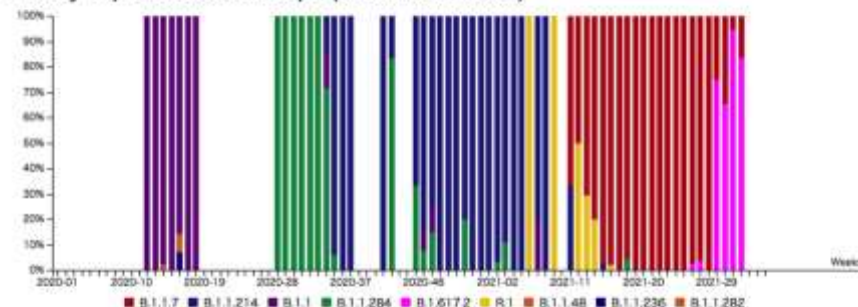
福井県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



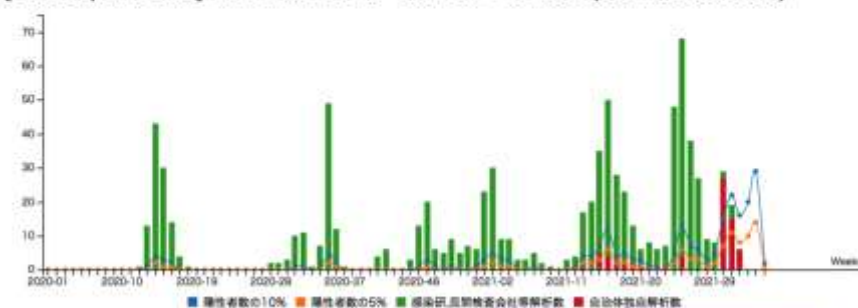
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

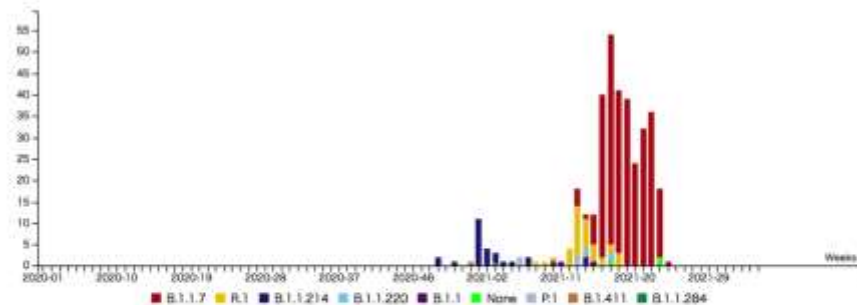
[Asia/Japan/Fukui] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染患者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>
 [ゲノム確定数の計算] 感染症研での解読分、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。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

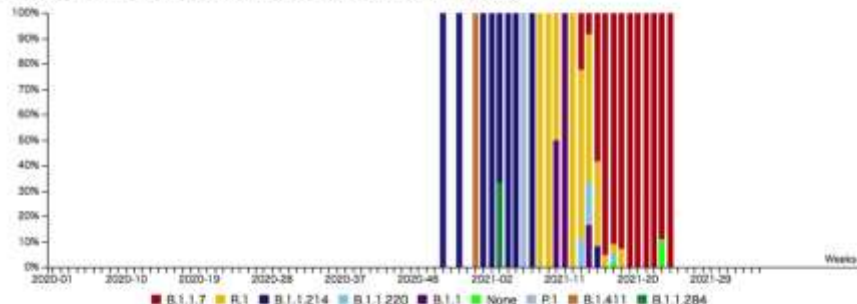
山梨県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



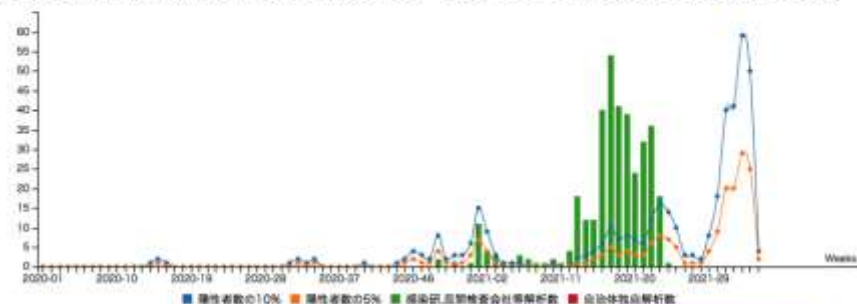
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

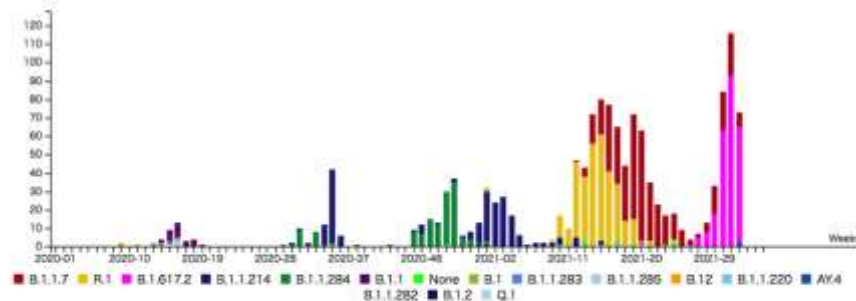
[Asia/Japan/Yamanashi] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

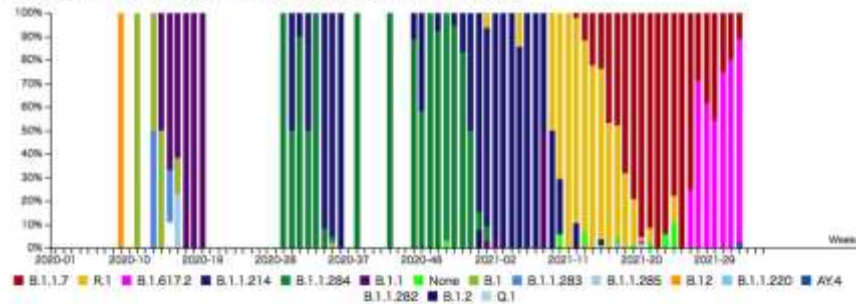
長野県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



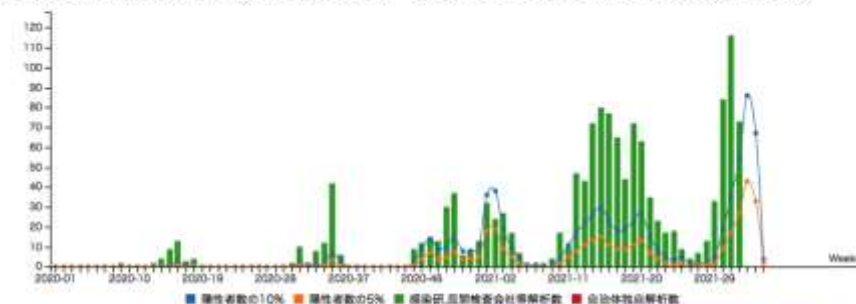
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

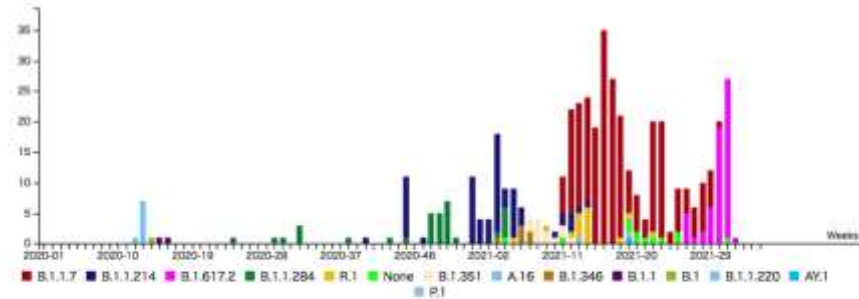
[Asia/Japan/Nagano] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

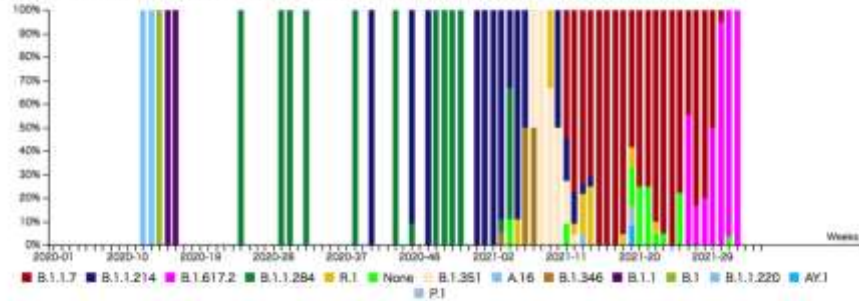
岐阜県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



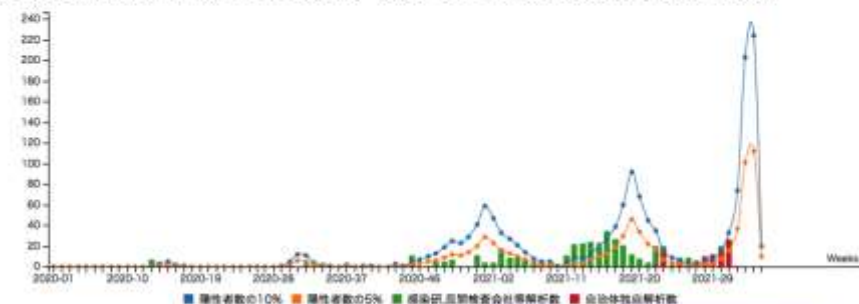
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

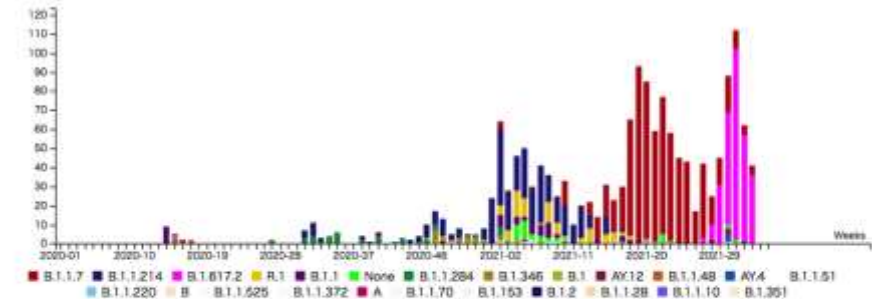
[Asia/Japan/Gifu] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症での解説分、自営体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

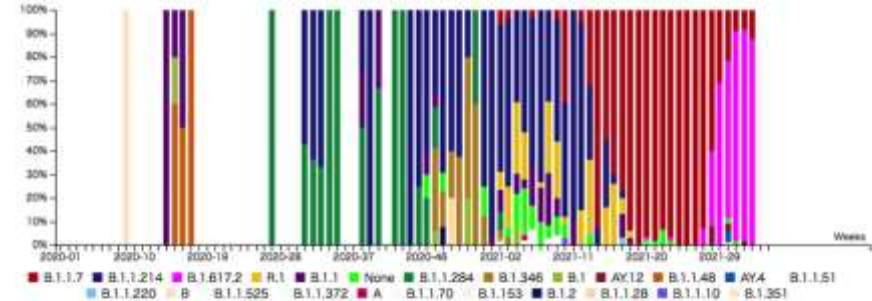
静岡県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



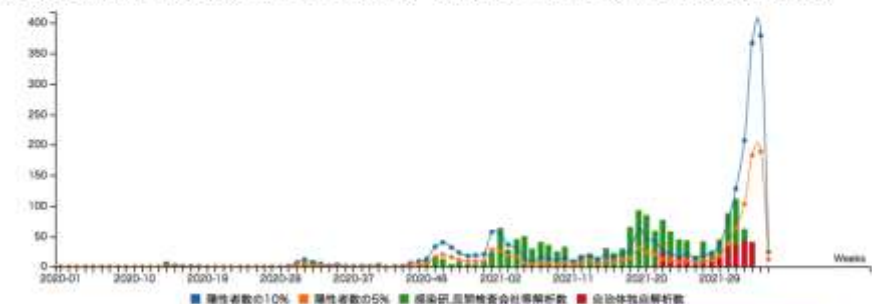
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

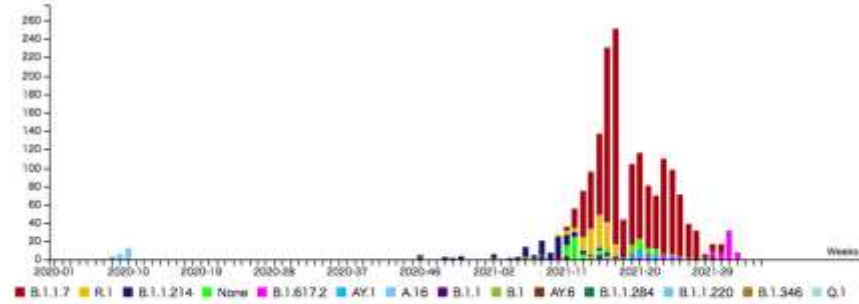


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>
 [ゲノム確定数の計算] 感染症での解説分、自営体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。

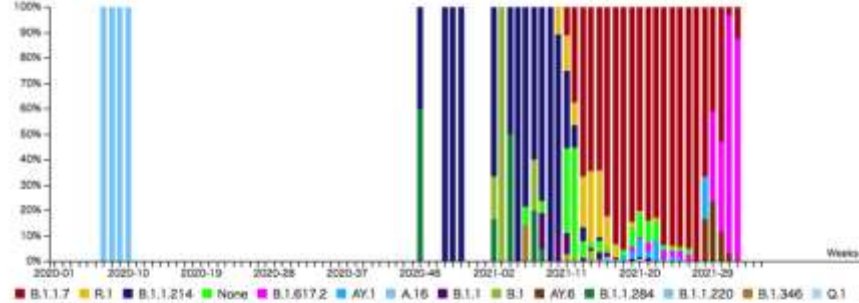
愛知県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



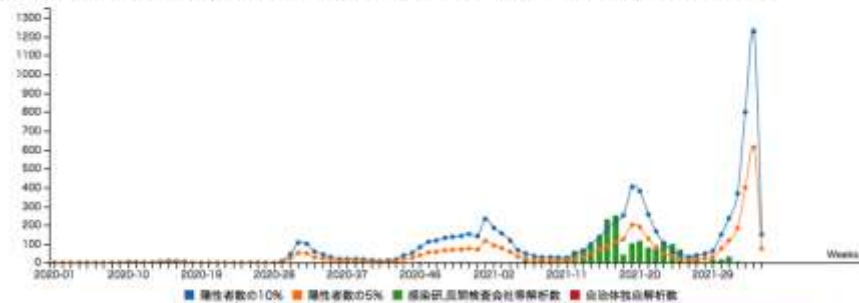
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

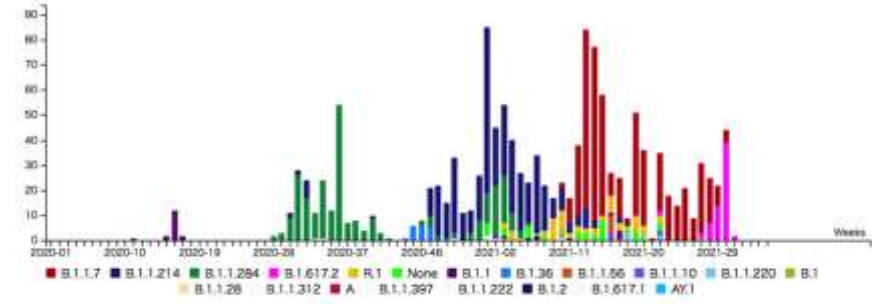
[Asia/Japan/Aichi] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症研での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

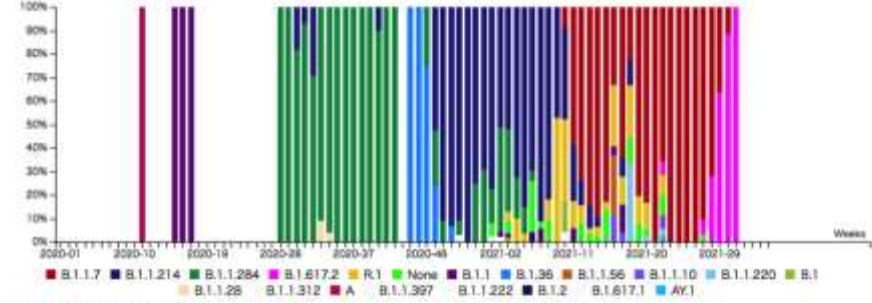
三重県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



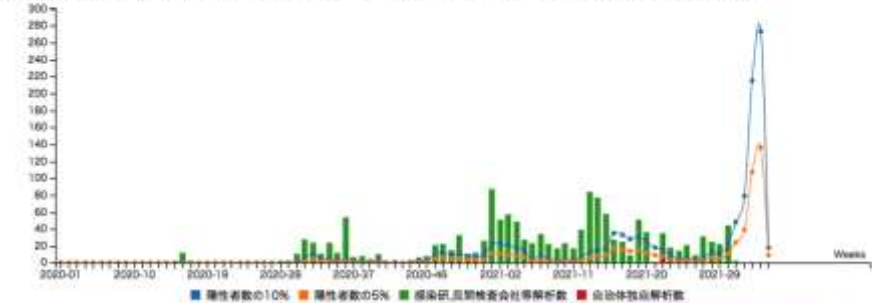
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

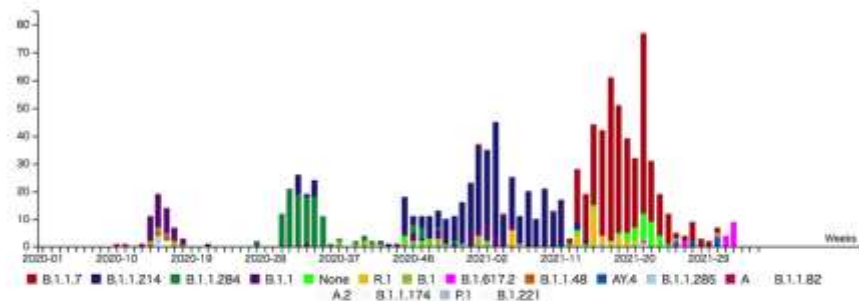
[Asia/Japan/Mie] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症研での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

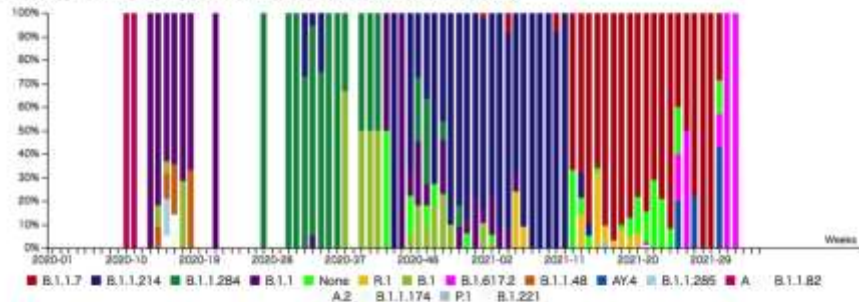
滋賀県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



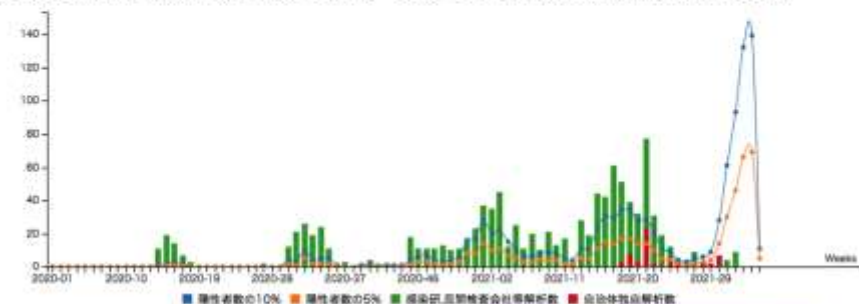
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

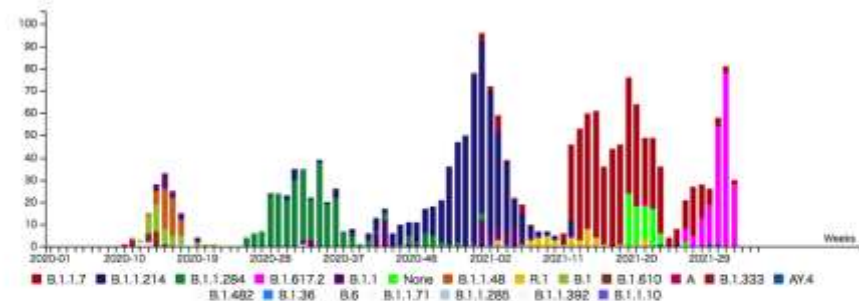
[Asia/Japan/Shiga] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症研での解読分、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。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

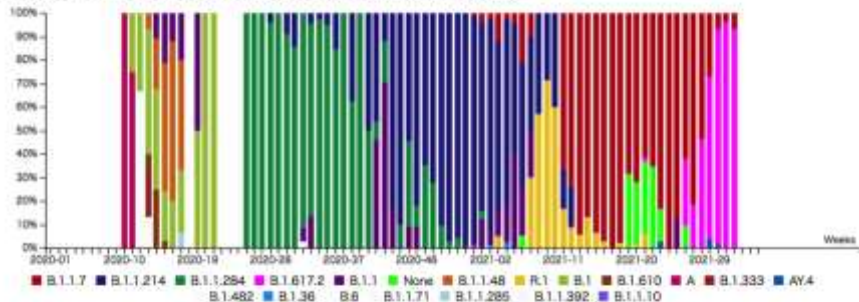
京都府

Weekly Top 30 Graph (count each week)



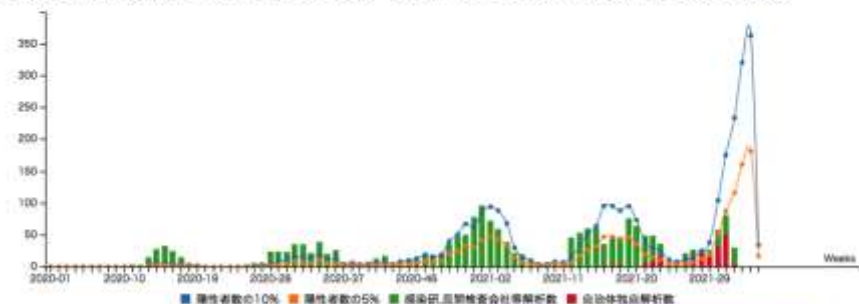
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

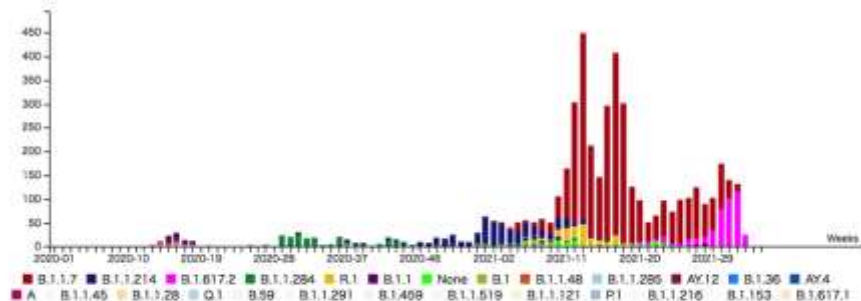
[Asia/Japan/Kyoto] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症研での解読分、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。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

大阪府

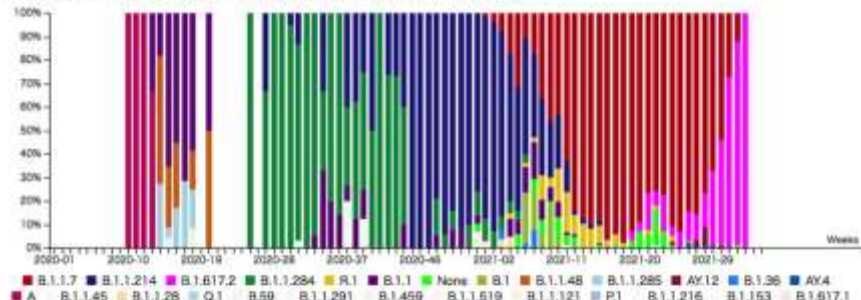
Weekly Top 30 Graph (count each week)



None: 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)

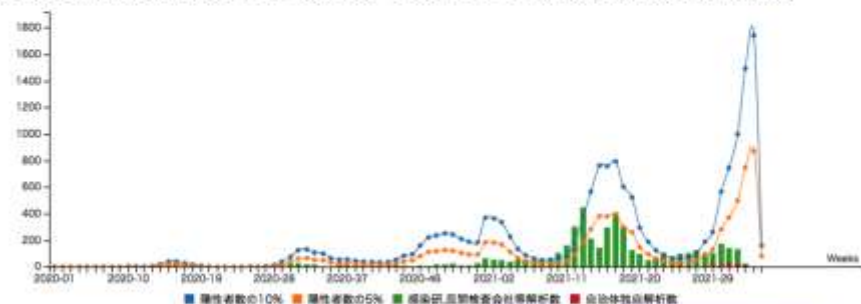
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)



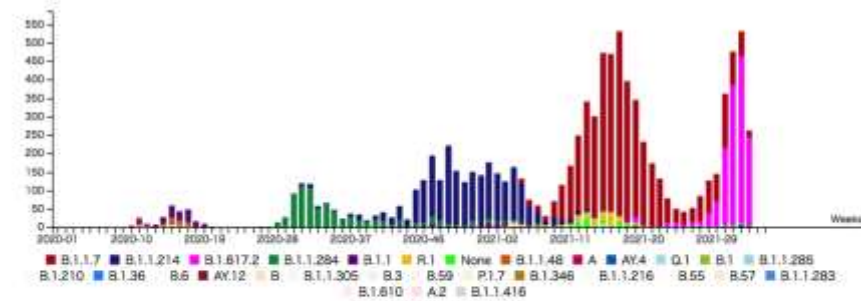
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染患者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

兵庫県

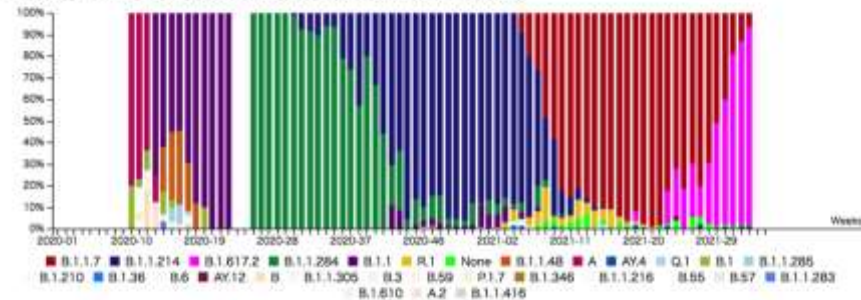
Weekly Top 30 Graph (count each week)



None: 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)

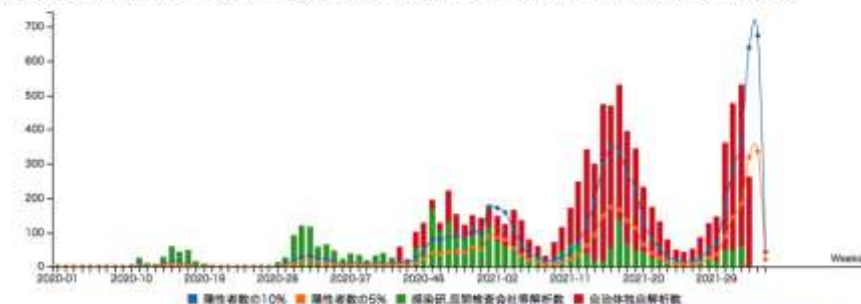
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)



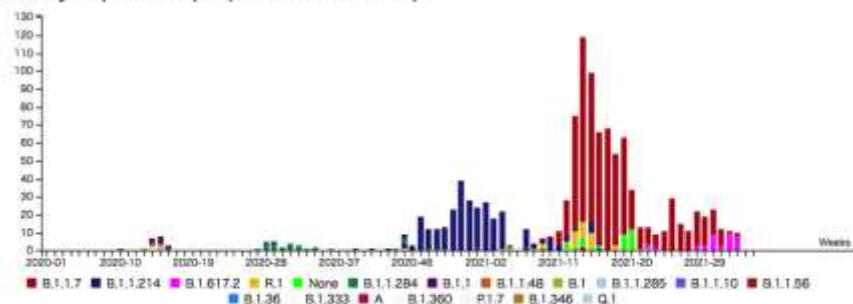
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染患者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

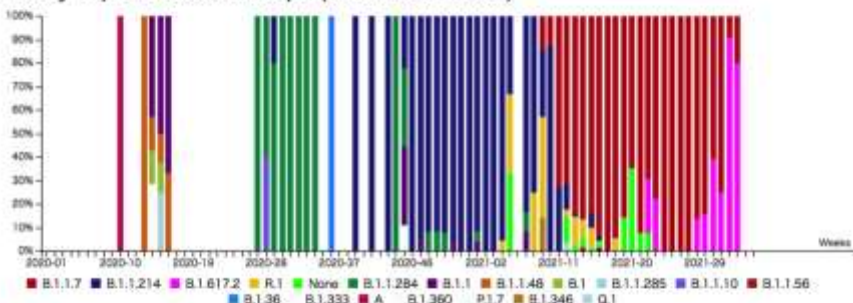
奈良県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



None: 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)



None: 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)

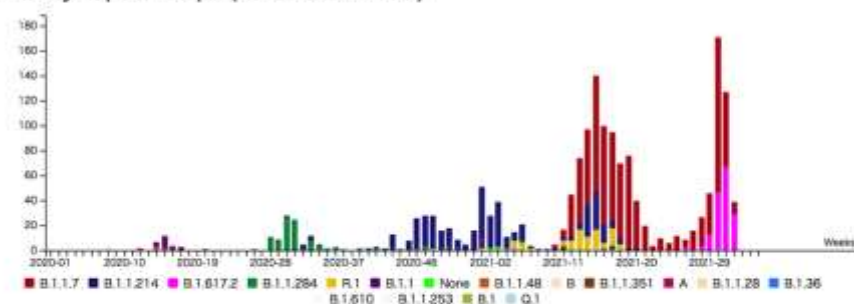
[Asia/Japan/Nara] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

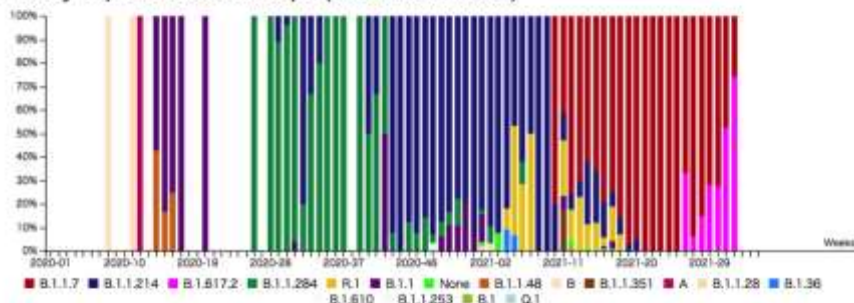
和歌山県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



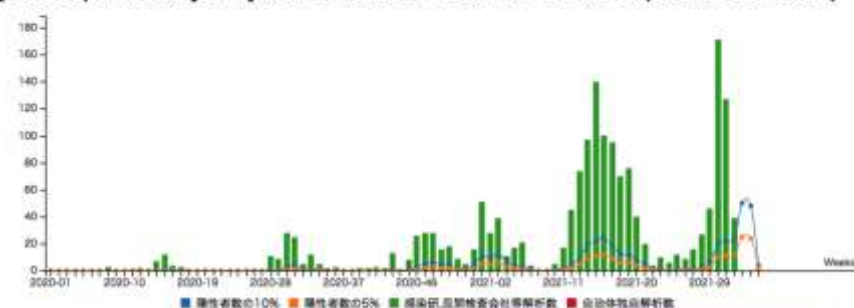
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

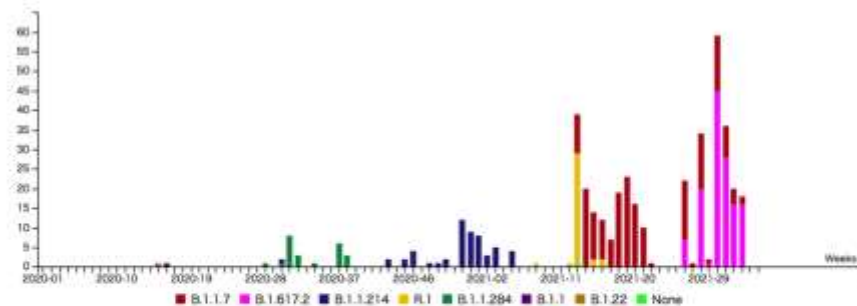
[Asia/Japan/Wakayama] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

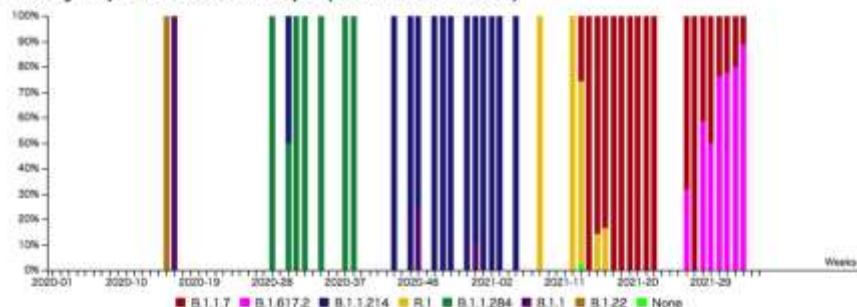
鳥取県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



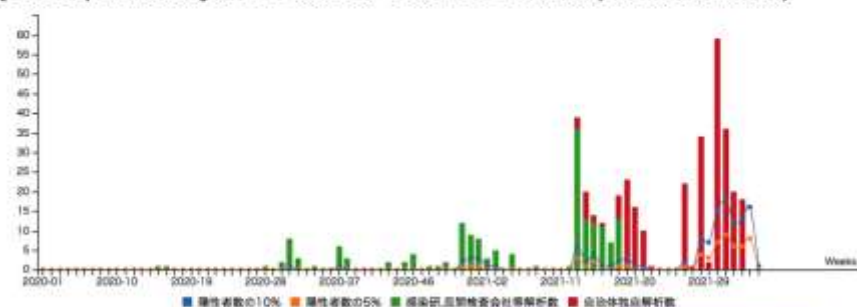
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

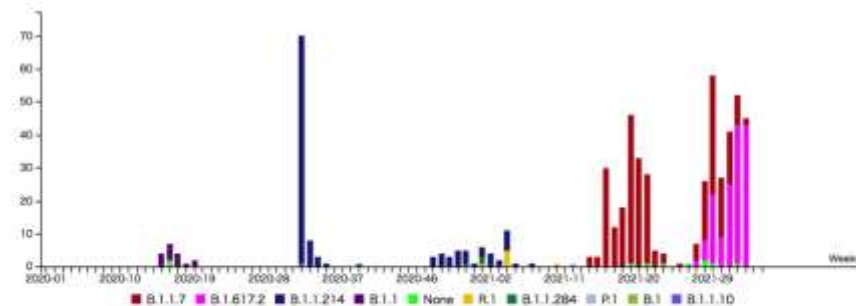
[Asia/Japan/Tottori] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染患者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>
 [ゲノム確定数の計算] 感染症研での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

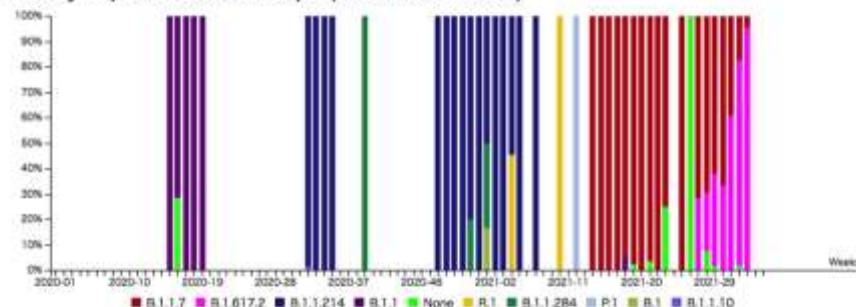
島根県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



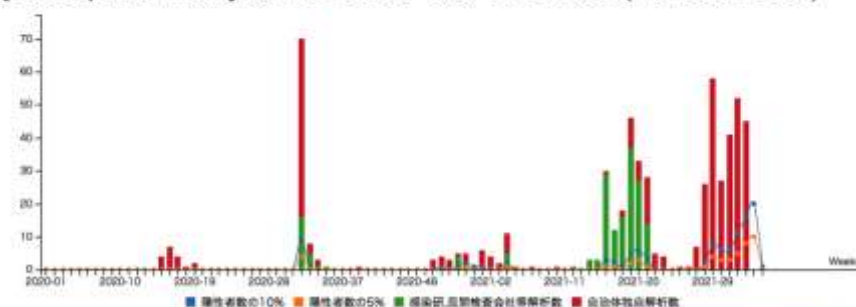
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

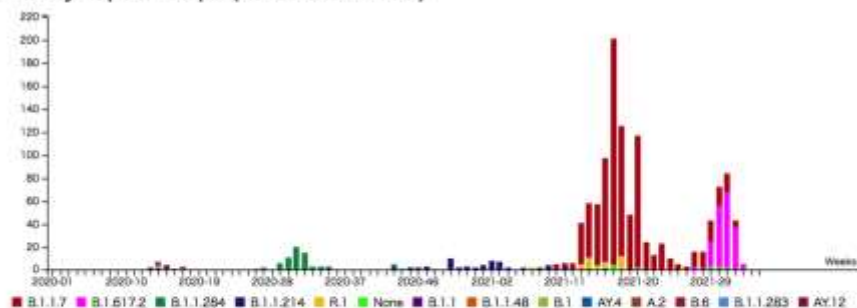
[Asia/Japan/Shimane] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染患者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>
 [ゲノム確定数の計算] 感染症研での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

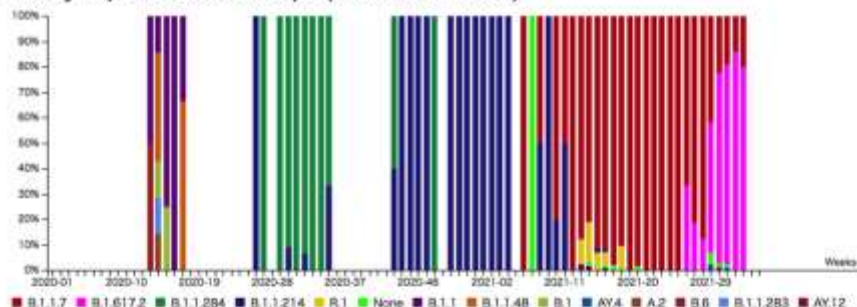
岡山県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



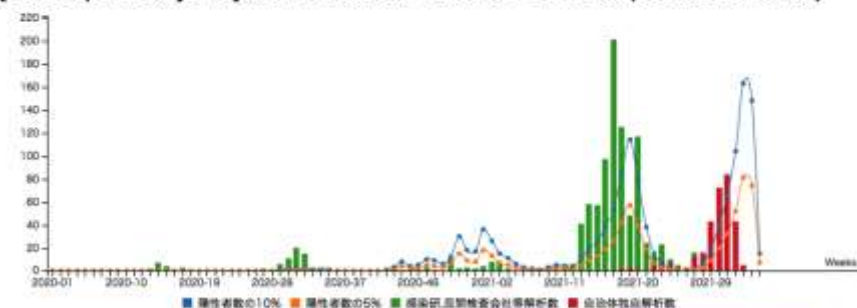
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

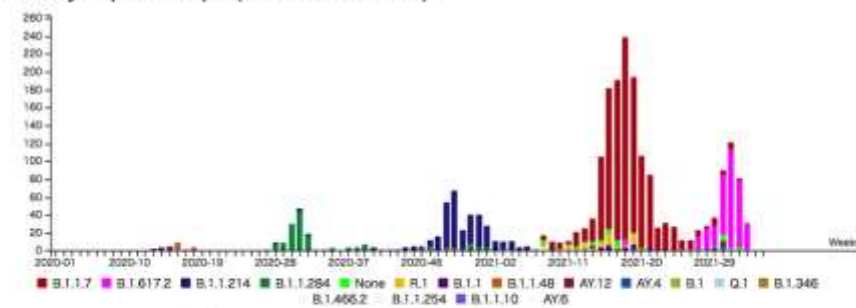
[Asia/Japan/Okayama] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

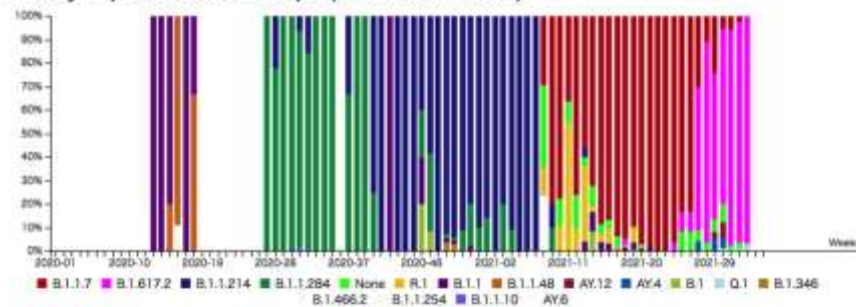
広島県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



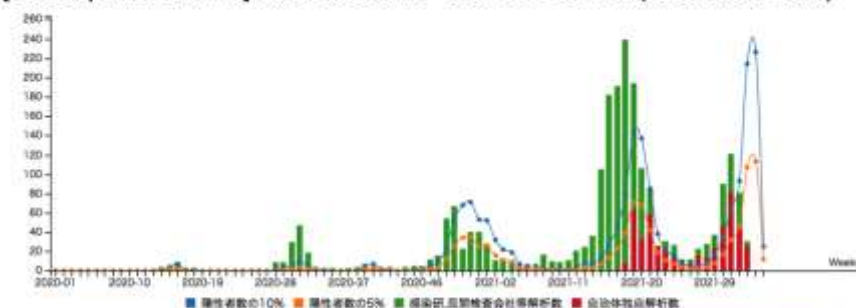
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

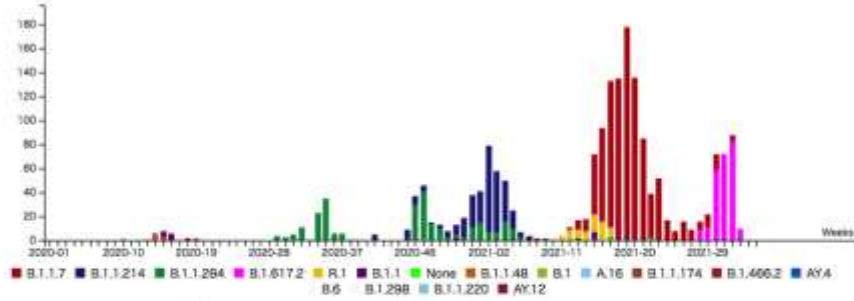
[Asia/Japan/Hiroshima] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

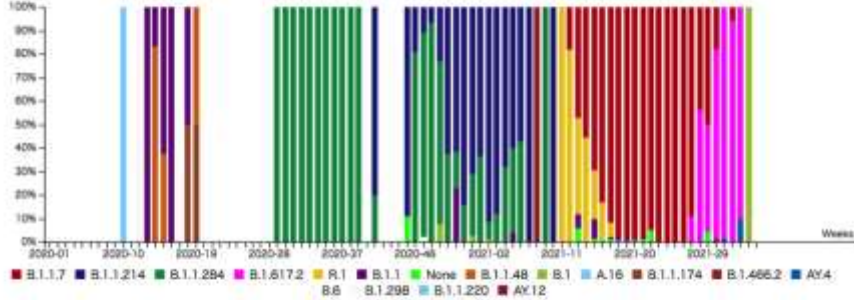
山口県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



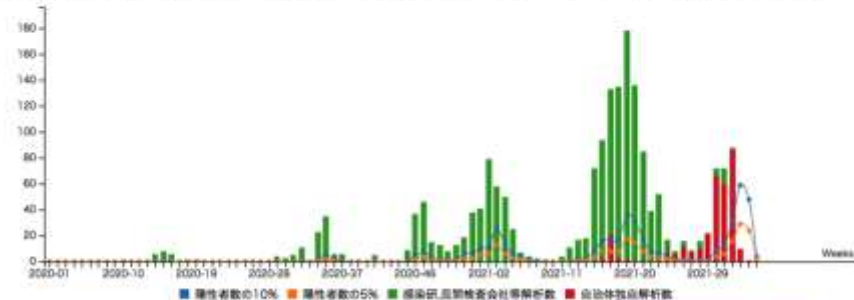
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

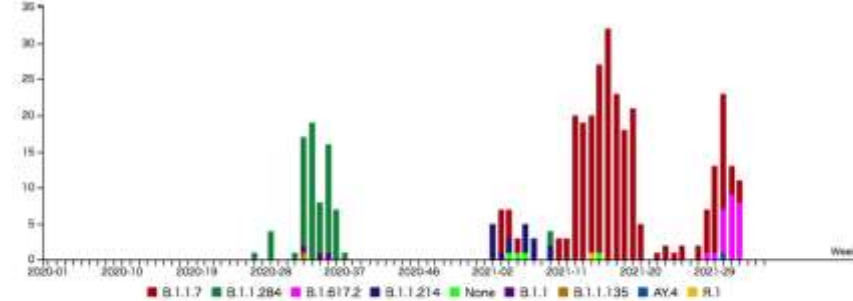
[Asia/Japan/Yamaguchi] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

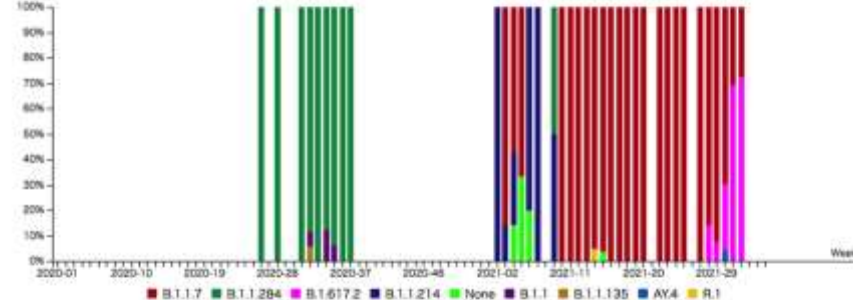
徳島県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



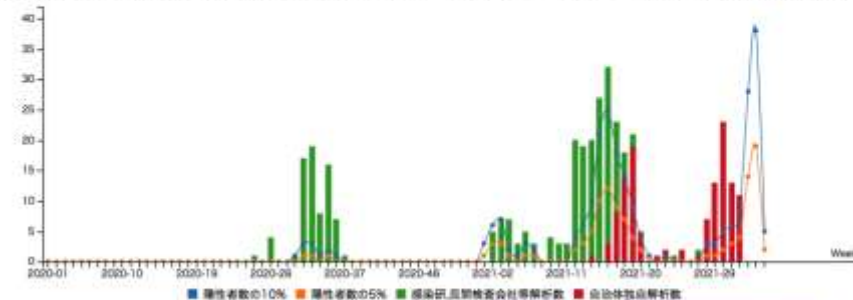
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

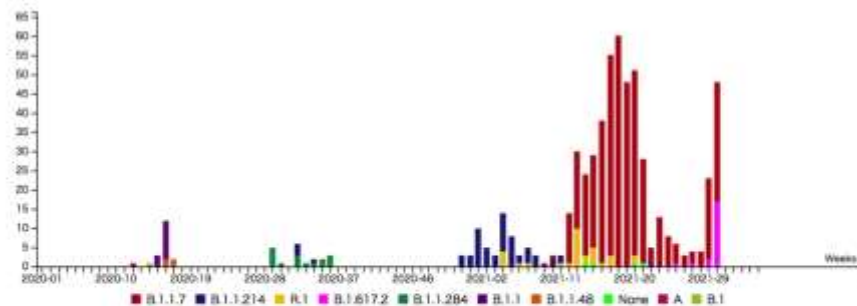
[Asia/Japan/Tokushima] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

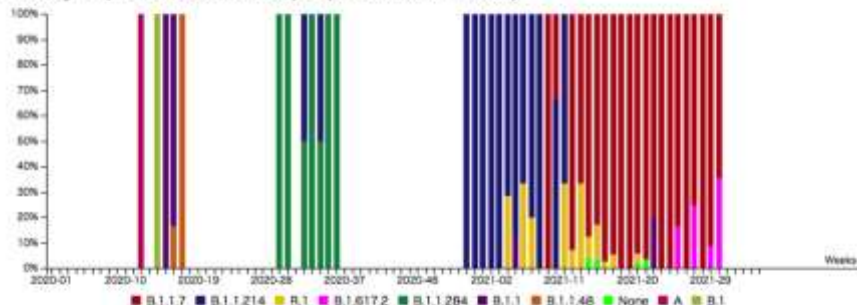
香川県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



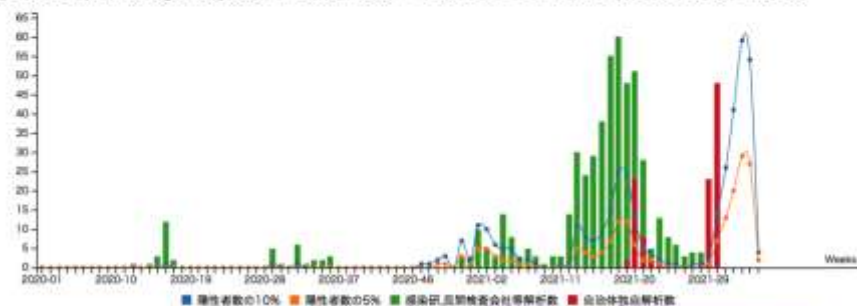
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

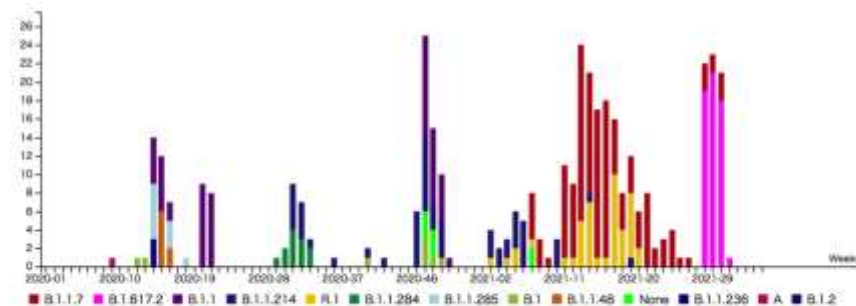
[Asia/Japan/Kagawa] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症研での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

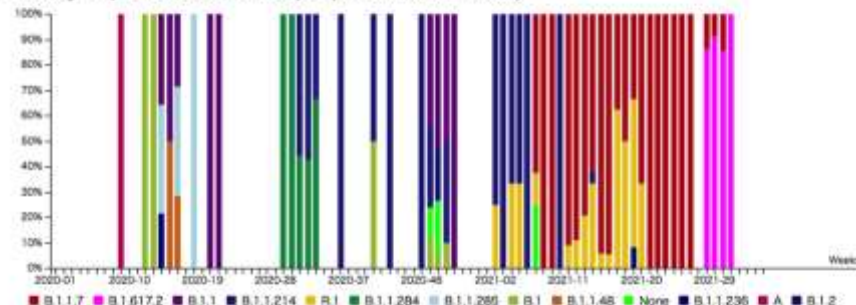
愛媛県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



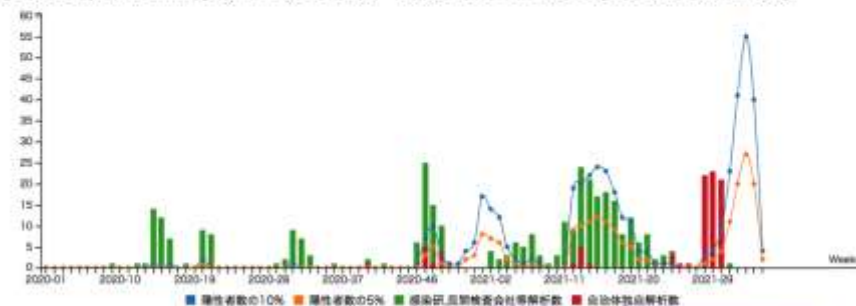
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

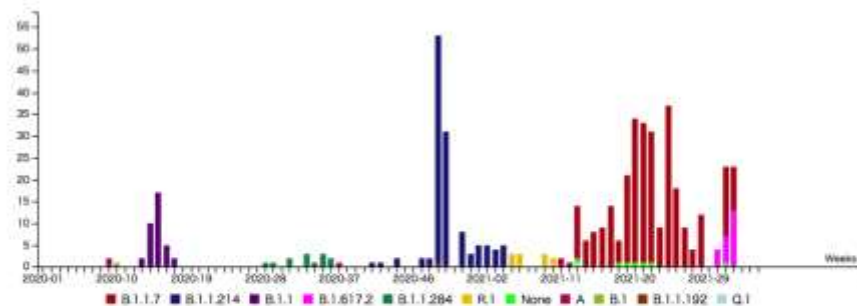
[Asia/Japan/Ehime] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症研での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

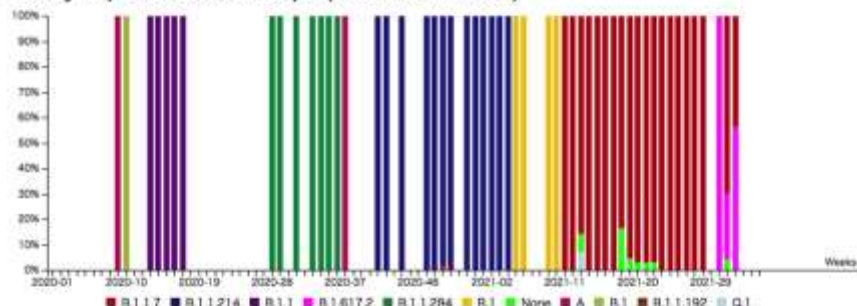
高知県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



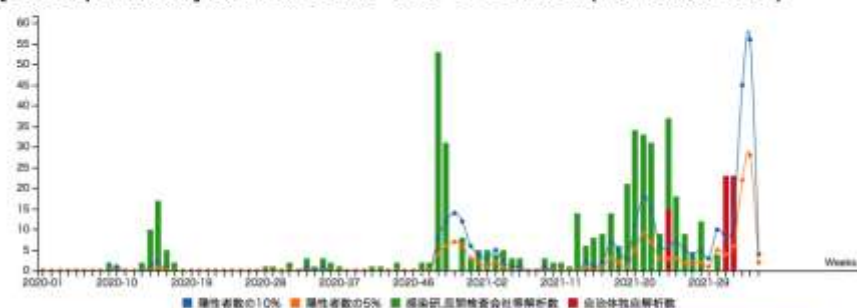
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

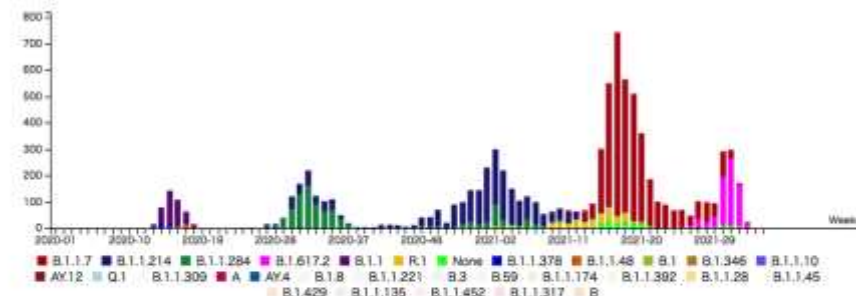
[Asia/Japan/Kochi] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症研での解読分、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。
 (いずれも感染症研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

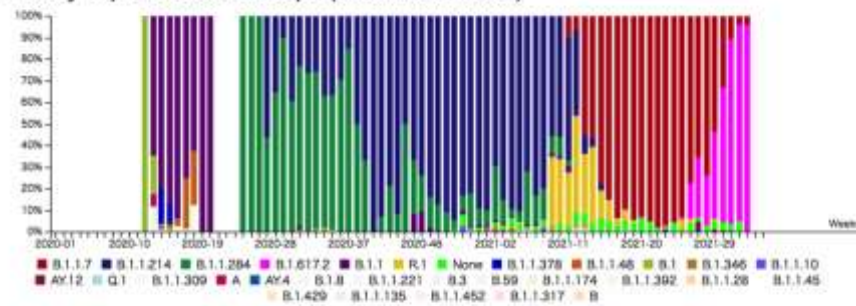
福岡県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



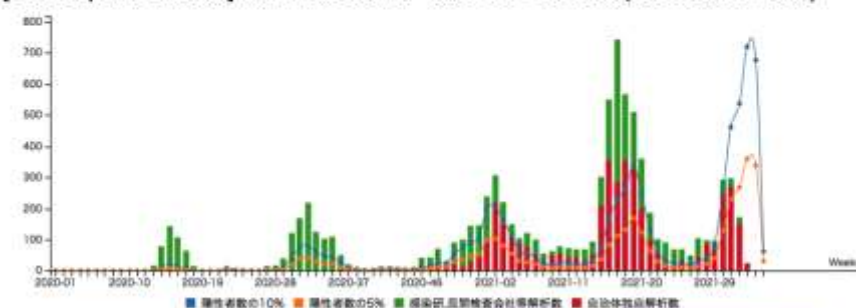
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

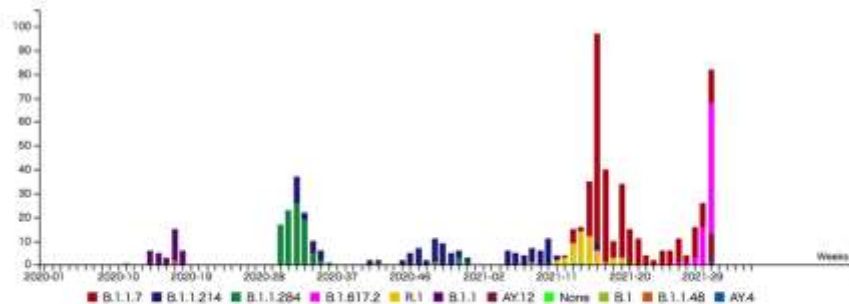
[Asia/Japan/Fukuoka] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症研での解読分、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。
 (いずれも感染症研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

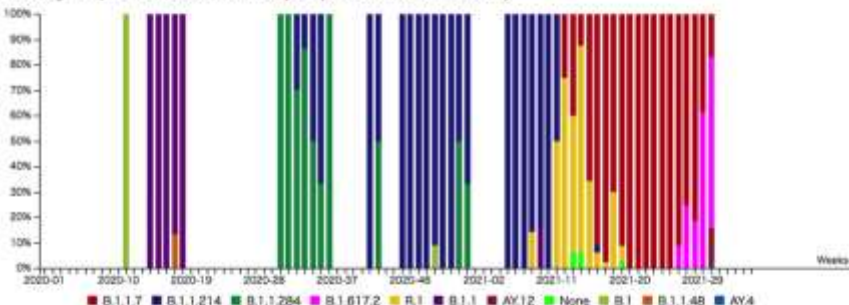
佐賀県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



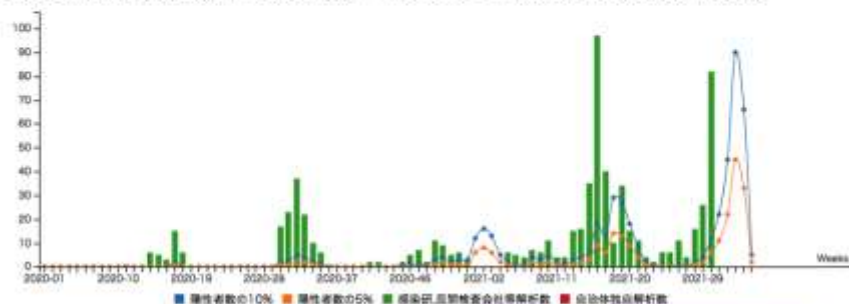
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

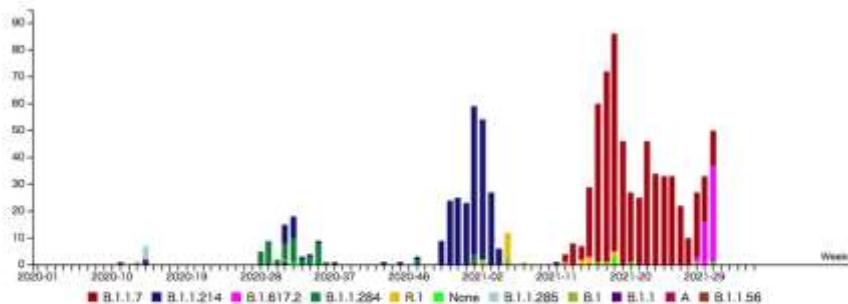
[Asia/Japan/Saga] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染患者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>
 [ゲノム確定数の計算] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

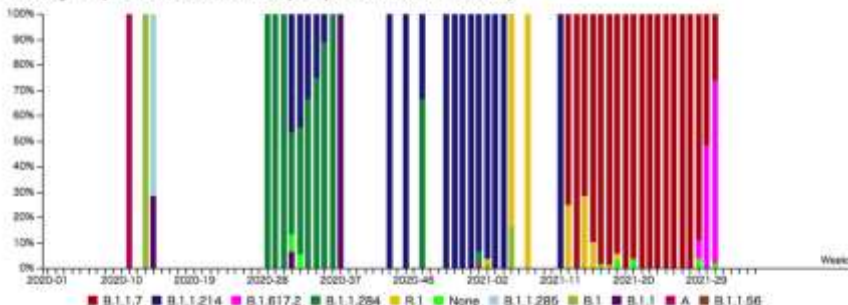
長崎県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



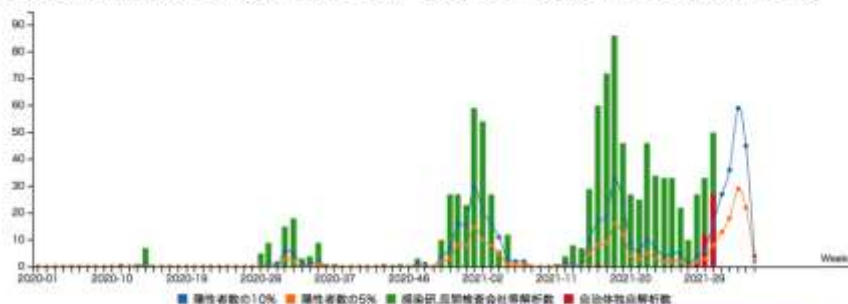
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

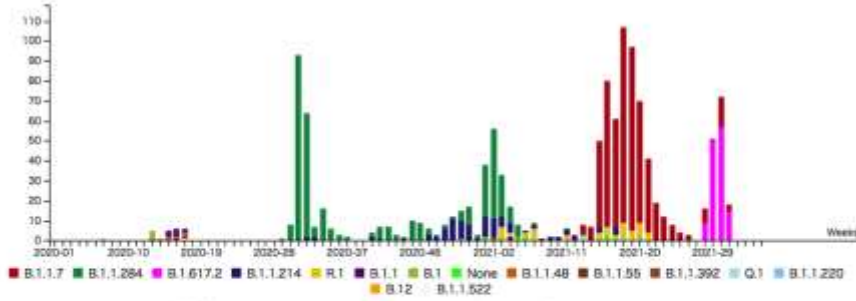
[Asia/Japan/Nagasaki] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[陽性者数の計算について (集計元)] 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染患者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>
 [ゲノム確定数の計算] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

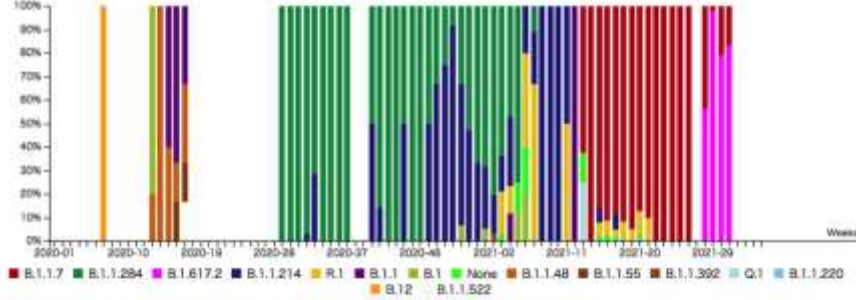
熊本県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



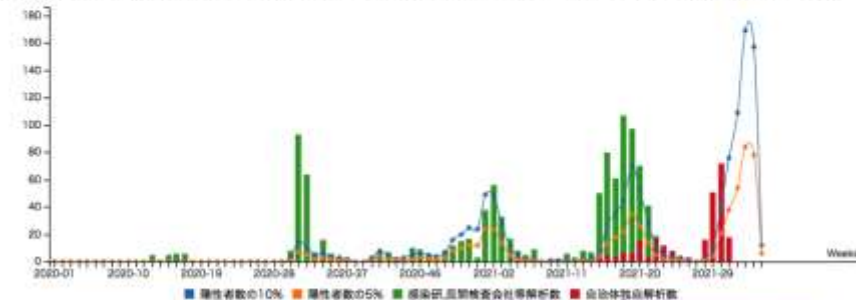
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

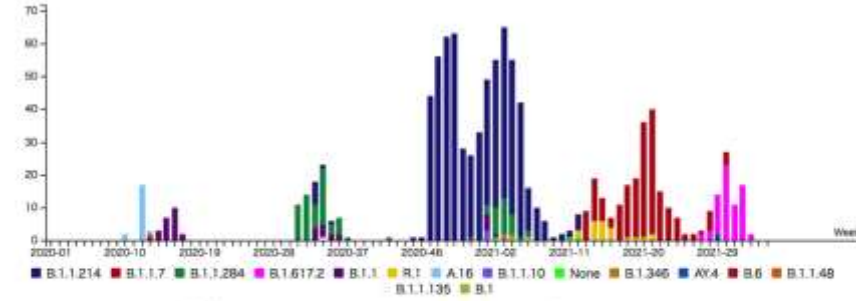
[Asia/Japan/Kumamoto] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

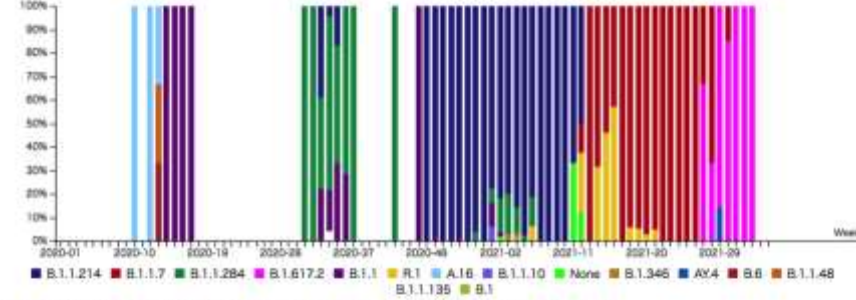
大分県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



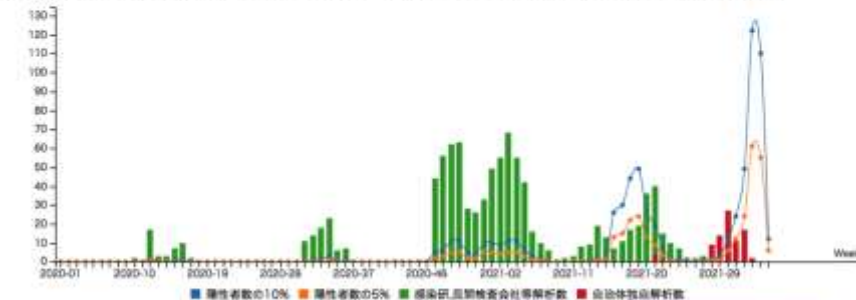
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

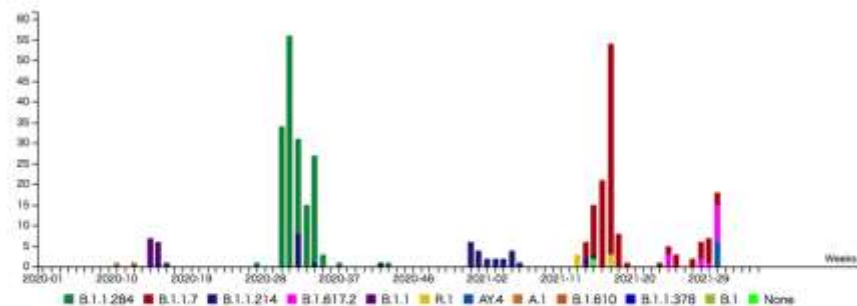
[Asia/Japan/Oita] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

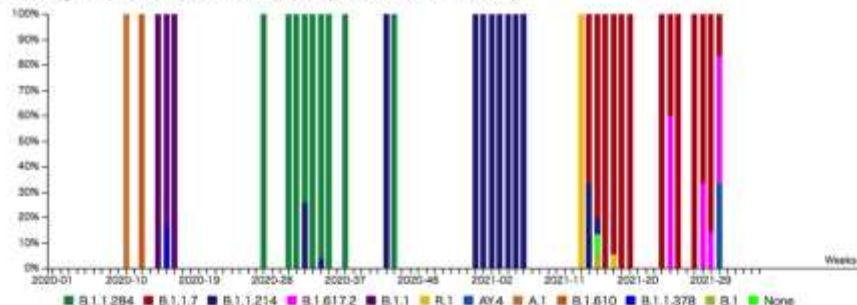
宮崎県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



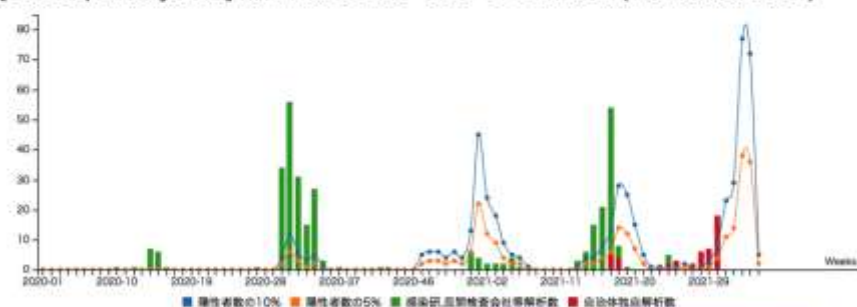
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

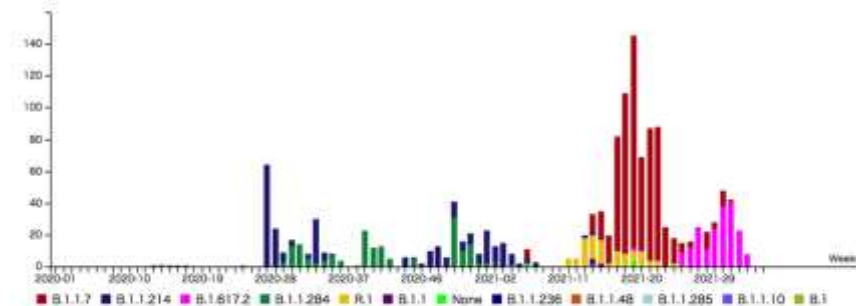
[Asia/Japan/Miyazaki] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症研での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

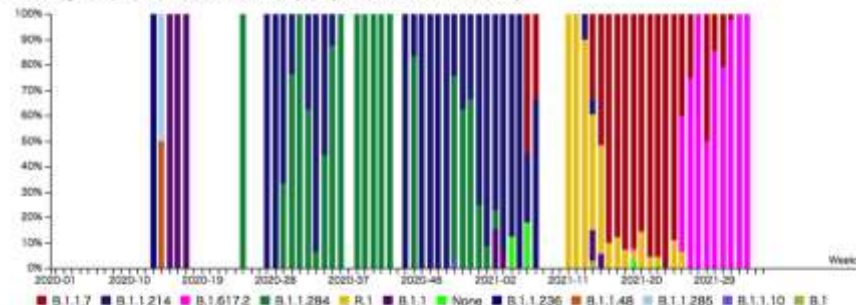
鹿児島県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



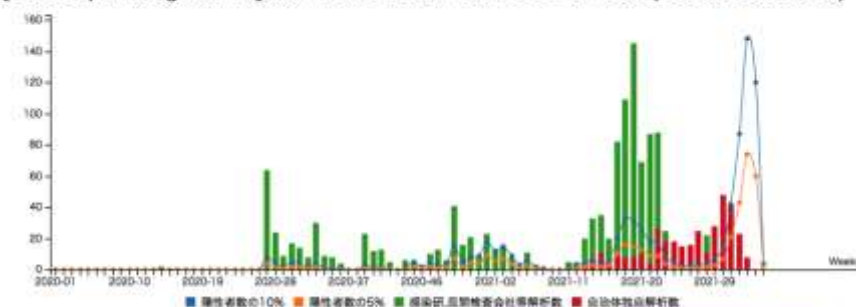
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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)

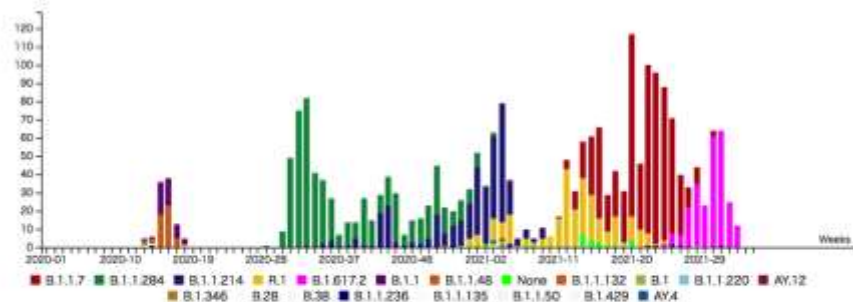
[Asia/Japan/Kagoshima] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症研での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

沖縄県

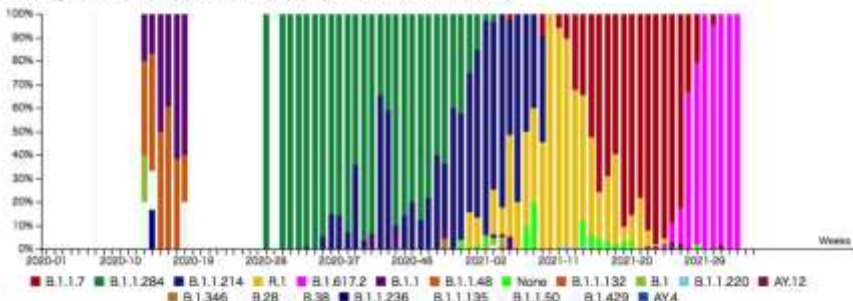
Weekly Top 30 Graph (count each week)



None: 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)

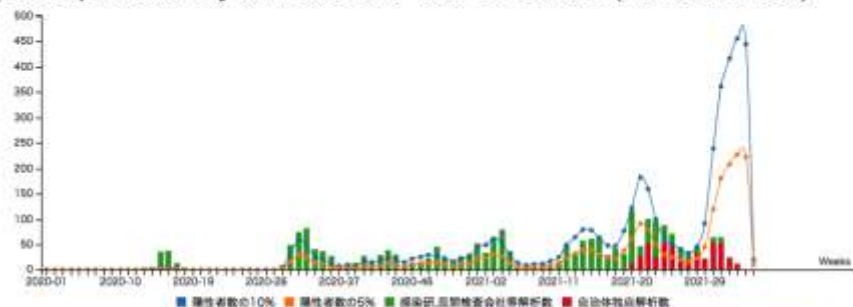
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



None: 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] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)