

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:71,598 (9/13時点) (+2,083) 括弧内は9/6時点比

都道府県別・空港等検疫の累積：北海道2,550、青森県111、岩手県397、宮城県1,876、秋田県260、山形県326、福島県1,617、茨城県2,271、栃木県1,400、群馬県996、埼玉県3,678、千葉県3,361、東京都889、神奈川県2,639、新潟県985、富山県647、石川県1,191、福井県763、山梨県329、長野県1,319、岐阜県409、静岡県1,411、愛知県729、三重県1,244、滋賀県733、京都府1,541、大阪府2,531、兵庫県8,888、奈良県944、和歌山県1,697、鳥取県432、島根県586、岡山県750、広島県2,181、山口県1,714、徳島県236、香川県520、愛媛県371、高知県391、福岡県7,551、佐賀県622、長崎県737、熊本県1,127、大分県1,015、宮崎県312、鹿児島県1,433、沖縄県2,040、空港等検疫1,848

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) (9/13時点) 括弧内は9/6時点比

B.1.1.7系統の変異株 (アルファ株)	: 国内46,734例 (+775例)、検疫337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95例 (+1例)、検疫29例 (+0例)
B.1.617.2系統の変異株 (デルタ株)	: 国内27,820例 (+6,919例)、検疫834例 (+65例)
B.1.617.1系統の変異株 (カッパ株)	: 国内8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

9/13-9/19	新規陽性者数	合計（①+②） 陽性率（注）	①自治体			②民間検査機関		
			実施件数	陽性者数	陽性率(注)	実施件数	陽性者数	陽性率(注)
北海道	586	94 %	40	37	93 %	202	190	94 %
茨城県	754	96 %	93	93	100 %	153	142	93 %
栃木県	408	90 %	0	0	- %	122	110	90 %
群馬県	242	96 %	9	9	100 %	84	80	95 %
埼玉県	2,464	92 %	184	175	95 %	904	825	91 %
千葉県	1,963	87 %	35	34	97 %	485	417	86 %
東京都	5,707	92 %	69	43	62 %	3,432	3,183	93 %
神奈川県	3,431	92 %	158	152	96 %	800	728	91 %
岐阜県	446	79 %	0	0	- %	52	41	79 %
静岡県	721	94 %	114	109	96 %	183	171	93 %
愛知県	3,626	89 %	1,257	1,143	91 %	1,028	886	86 %
三重県	311	91 %	50	48	96 %	93	82	88 %
滋賀県	271	84 %	0	0	- %	374	315	84 %
京都府	847	82 %	321	257	80 %	503	419	83 %
大阪府	5,280	85 %	1,651	1,325	80 %	1,448	1,305	90 %
兵庫県	2,069	91 %	706	647	92 %	265	239	90 %
広島県	498	94 %	228	218	96 %	32	26	81 %
福岡県	1,307	94 %	118	105	89 %	309	297	96 %
沖縄県	1,376	91 %	12	3	25 %	171	164	96 %
全国	36,085	90 %	6,724	5,975	89 %	11,229	10,141	90 %

※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。

注 陽性率は、陽性者数を実施件数で除したものの、実施件数の中には、判定不能なものが多く含まれている場合があることに留意。

L452R変異株PCR検査の実施率・陽性率（機械的な試算）時系列

	8/23－8/29 陽性率（注）	8/30－9/5 陽性率（注）	9/6－9/12 陽性率（注）	9/13－9/19 陽性率（注）
北海道	83%	85%	90%	94%
茨城県	90%	91%	93%	96%
栃木県	94%	93%	91%	90%
群馬県	95%	95%	94%	96%
埼玉県	95%	93%	92%	92%
千葉県	90%	90%	89%	87%
東京都	95%	94%	93%	92%
神奈川県	94%	94%	92%	92%
岐阜県	92%	87%	89%	79%
静岡県	93%	91%	93%	94%
愛知県	94%	91%	91%	89%
三重県	96%	95%	90%	91%
滋賀県	90%	91%	79%	84%
京都府	91%	86%	81%	82%
大阪府	87%	86%	87%	85%
兵庫県	91%	92%	94%	91%
広島県	78%	92%	89%	94%
福岡県	91%	93%	93%	94%
沖縄県	94%	94%	97%	91%
全国	92%	91%	91%	90%

※ 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。

注 陽性率は、陽性者数を実施件数で除したものの、実施件数の中には、判定不能なものが多く含まれている場合があることに留意。

L452R変異株PCR検査の実施状況 (9/13-9/19) 速報値 2021/9/27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	586	242	227	94
2	青森県	293	106	101	95
3	岩手県	74	94	94	100
4	宮城県	283	308	288	94
5	秋田県	50	27	26	96
6	山形県	44	39	37	95
7	福島県	130	128	124	97
8	茨城県	754	246	235	96
9	栃木県	408	122	110	90
10	群馬県	242	93	89	96
11	埼玉県	2,464	1,088	1,000	92
12	千葉県	1,963	520	451	87
13	東京都	5,707	3,501	3,226	92
14	神奈川県	3,431	958	880	92
15	新潟県	220	54	49	91
16	富山県	61	2	2	100
17	石川県	131	111	106	95
18	福井県	82	103	102	99
19	山梨県	87	25	22	88
20	長野県	231	59	55	93
21	岐阜県	446	52	41	79
22	静岡県	721	297	280	94
23	愛知県	3,626	2,285	2,029	89
24	三重県	311	143	130	91

	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	271	374	315	84
26	京都府	847	824	676	82
27	大阪府	5,280	3,099	2,630	85
28	兵庫県	2,069	971	886	91
29	奈良県	386	221	187	85
30	和歌山県	102	50	47	94
31	鳥取県	40	46	39	85
32	島根県	26	33	33	100
33	岡山県	239	240	215	90
34	広島県	498	260	244	94
35	山口県	86	5	3	60
36	徳島県	88	38	35	92
37	香川県	66	60	50	83
38	愛媛県	85	85	80	94
39	高知県	55	57	49	86
40	福岡県	1,307	427	402	94
41	佐賀県	68	36	36	100
42	長崎県	111	81	78	96
43	熊本県	277	76	70	92
44	大分県	169	23	22	96
45	宮崎県	122	26	21	81
46	鹿児島県	172	135	127	94
47	沖縄県	1,376	183	167	91
	全国	36,085	17,953	16,116	90%

※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。

ゲノム解析実施状況 (8/23-9/19) 速報値

2021/9/27時点

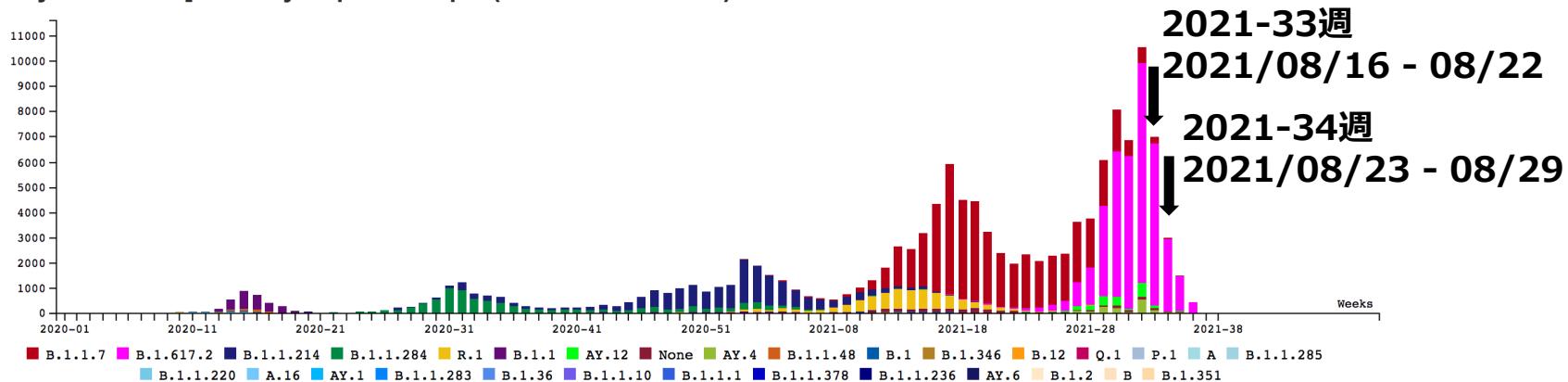
	都道府県	地方衛生 研究所	大学等	医療機関
1	北海道	209	0	0
2	青森県	20	0	0
3	岩手県	36	0	0
4	宮城県	287	93	0
5	秋田県	0	0	0
6	山形県	62	0	0
7	福島県	167	0	0
8	茨城県	352	0	0
9	栃木県	178	0	0
10	群馬県	245	0	0
11	埼玉県	137	0	0
12	千葉県	284	354	0
13	東京都	129	0	0
14	神奈川県	125	0	0
15	新潟県	48	0	0
16	富山県	120	0	0
17	石川県	115	0	0
18	福井県	22	0	0
19	山梨県	0	0	137
20	長野県	0	0	0
21	岐阜県	48	0	0
22	静岡県	181	288	0
23	愛知県	1,276	0	0
24	三重県	0	0	88

	都道府県	地方衛生 研究所	大学等	医療機関
25	滋賀県	11	0	0
26	京都府	46	564	0
27	大阪府	144	1,811	170
28	兵庫県	1,903	0	0
29	奈良県	48	0	0
30	和歌山県	0	0	0
31	鳥取県	82	0	0
32	島根県	181	0	0
33	岡山県	216	0	0
34	広島県	333	0	0
35	山口県	342	0	0
36	徳島県	23	0	0
37	香川県	0	0	0
38	愛媛県	44	0	0
39	高知県	0	0	0
40	福岡県	1,055	0	0
41	佐賀県	0	0	0
42	長崎県	136	0	0
43	熊本県	96	0	0
44	大分県	48	0	0
45	宮崎県	24	0	0
46	鹿児島県	144	0	0
47	沖縄県	251	0	0
	全国	9,168	3,110	395

※1 現在、24の都道府県等の地方衛生研究所(※※)においてゲノム解析が可能。(※※北海道、札幌市、福島県、茨城県、栃木県、群馬県、埼玉県、東京都、千葉県、神奈川県、横浜市、川崎市、名古屋市、富山県、兵庫県、神戸市、広島県、鳥取県、島根県、福岡県、長崎県、熊本県、宮崎県、鹿児島県)さらに多くの都道府県等で実施可能となるよう国立感染症研究所からのゲノム機器の23の地方衛生研究所(※※※)への無償供与を行い、技術移転を実施中。(※※※青森県、岩手県、仙台市、山形県、新潟県、宇都宮市、埼玉県、千葉県、石川県、静岡市、福井県、三重県、滋賀県、京都府、奈良県、岡山県、山口県、徳島県、高知県、大分県、熊本市、宮崎県、沖縄県 ※2 解析結果が県庁等に届いた時点で調査に申告されているため、対象週以外の数値も含めて報告がされている可能性がある。

国内 新型コロナゲノムの PANGO lineage 変遷（2021/09/24 現在）

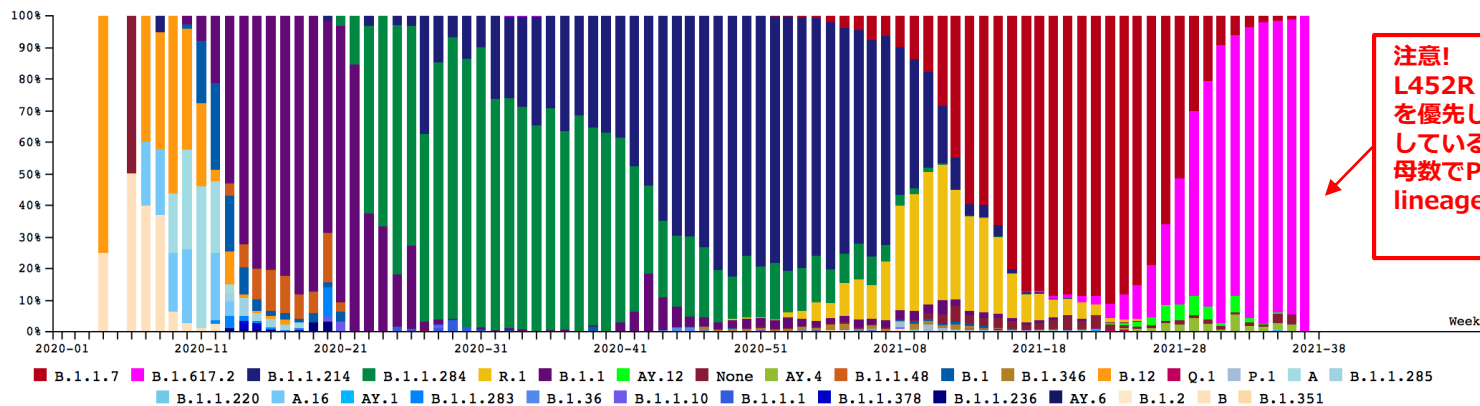
[Only Domestic] Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

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



None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

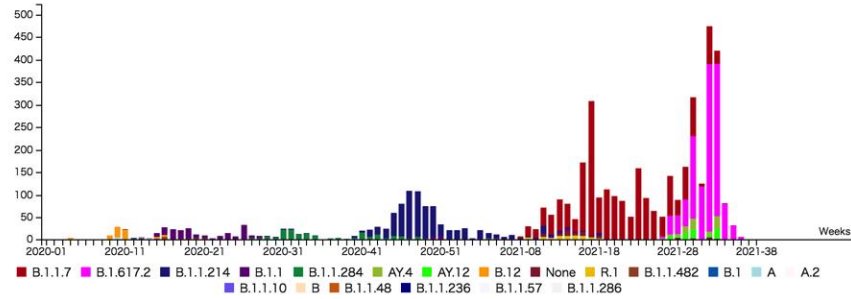
(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

2021-33		2021-34	
B.1.1.7	255	B.1.1.7	65
B.1.617.2	6426	B.1.617.2	2864
B.1.1.214	0	B.1.1.214	0
B.1.1.284	0	B.1.1.284	0
R.1	0	R.1	0
B.1.1	0	B.1.1	0
AY.12	100	AY.12	9
None	73	None	20
AY.4	130	AY.4	38
B.1.1.48	0	B.1.1.48	0
B.1	0	B.1	1
B.1.346	0	B.1.346	0
B.12	0	B.12	0
Q.1	1	Q.1	0
P.1	0	P.1	5
A	0	A	0
B.1.1.285	0	B.1.1.285	0
B.1.1.220	0	B.1.1.220	0
AY.1	1	AY.1	2
A.16	0	A.16	0
B.1.1.283	0	B.1.1.283	0
B.1.36	0	B.1.36	0
B.1.1.10	0	B.1.1.10	0
B.1.1.1	0	B.1.1.1	0
B.1.1.378	0	B.1.1.378	0
B.1.1.236	0	B.1.1.236	0
AY.6	1	AY.6	0

※その他の株は検出されていない。

北海道

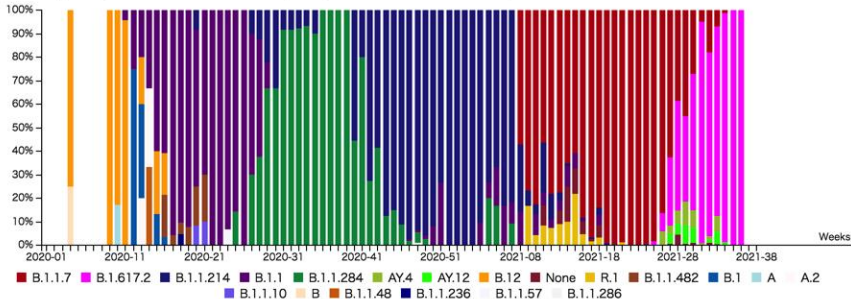
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

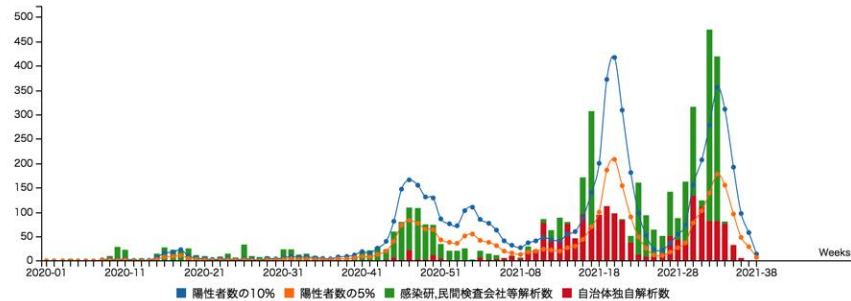
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



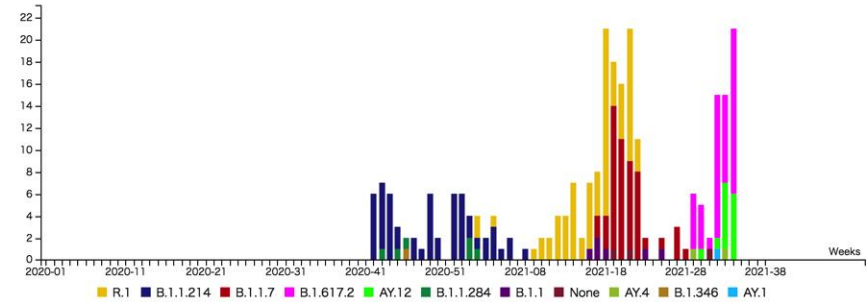
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

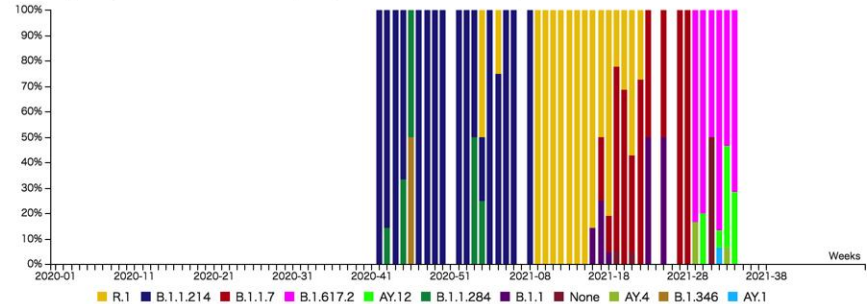
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

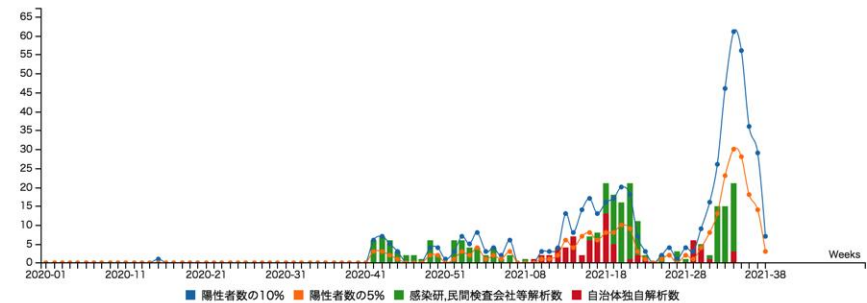
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



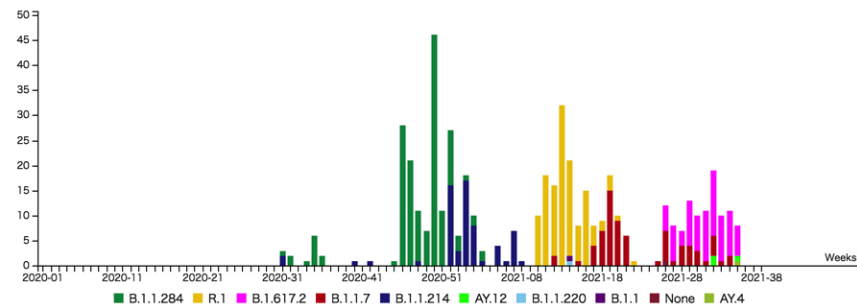
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

岩手県

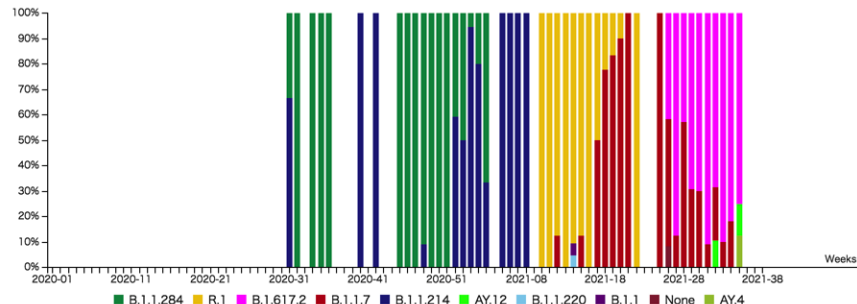
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

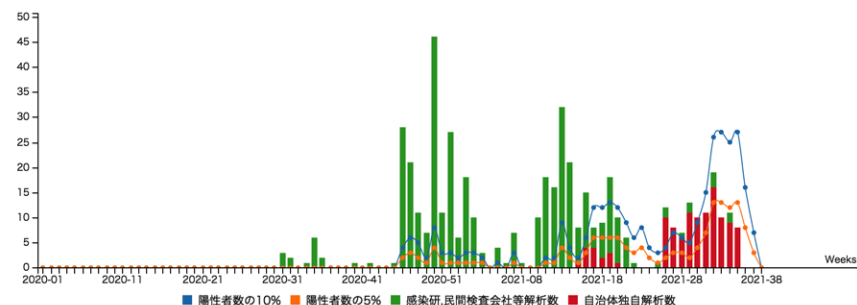
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



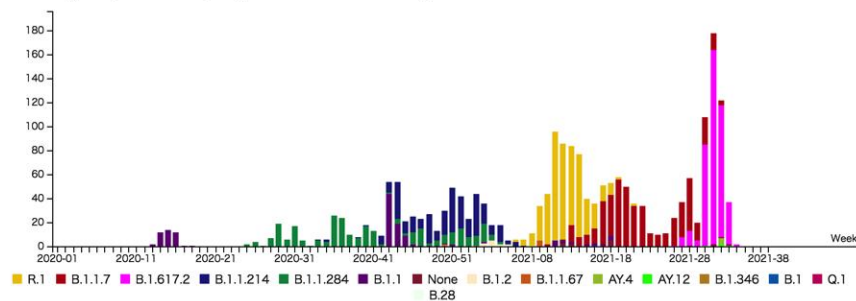
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

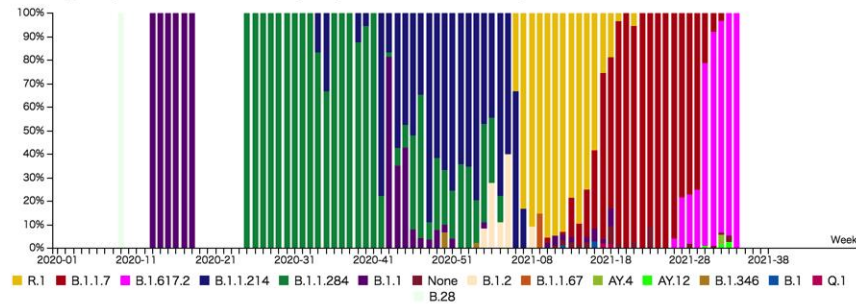
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

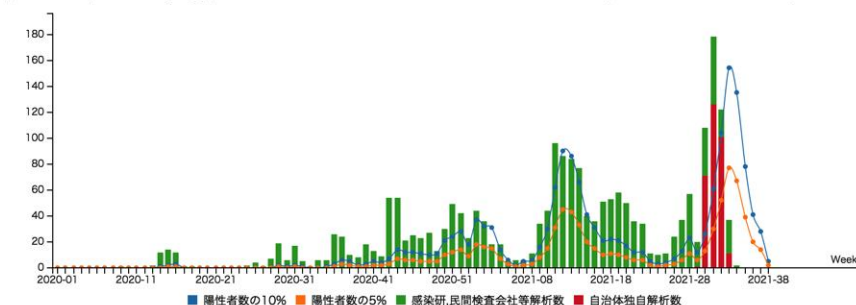
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



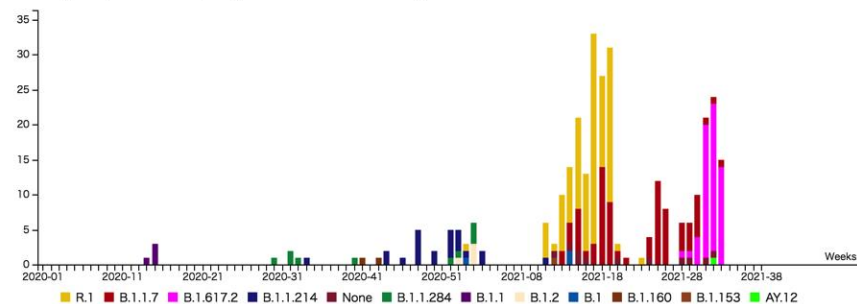
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

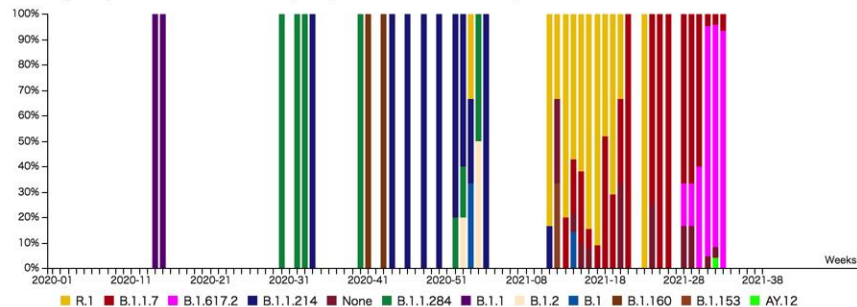
秋田県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



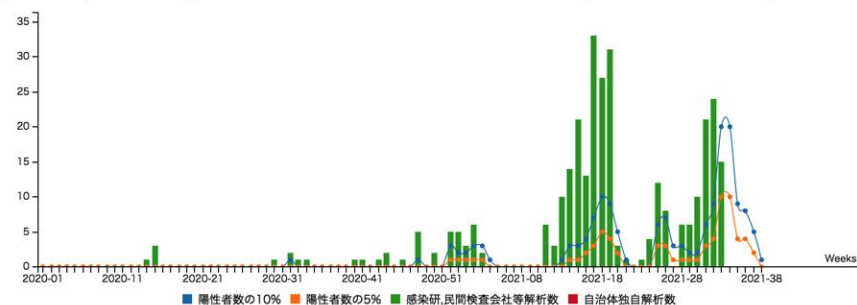
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

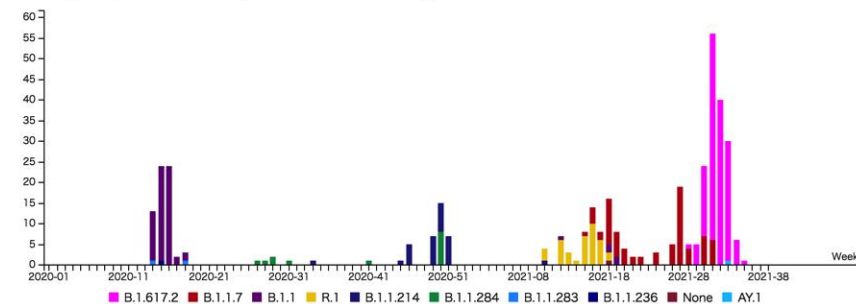
[Asia/Japan/Akita] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

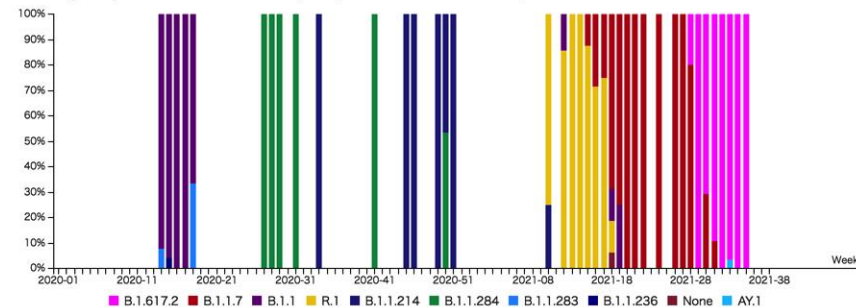
山形県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



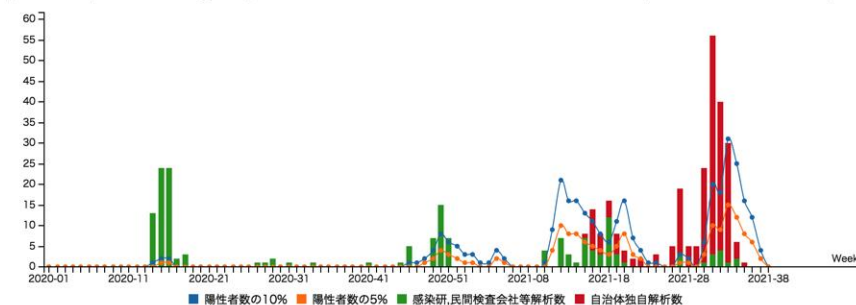
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

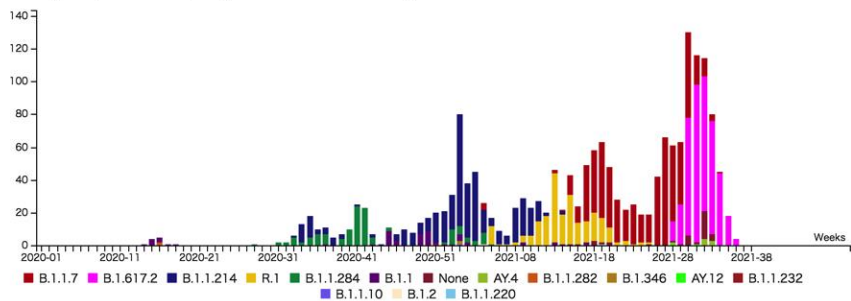
[Asia/Japan/Yamagata] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

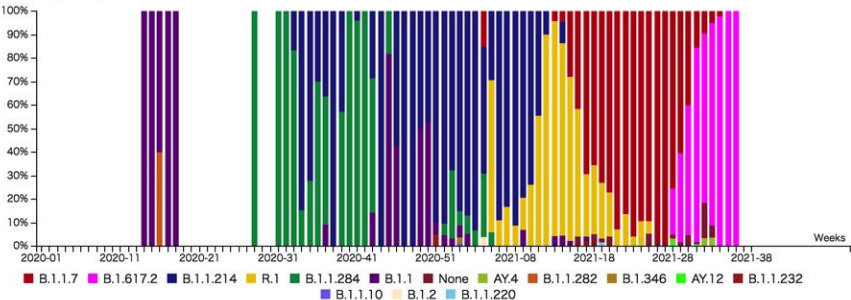
福島県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



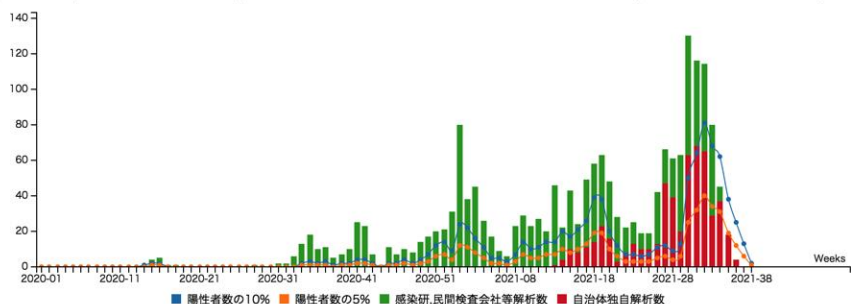
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

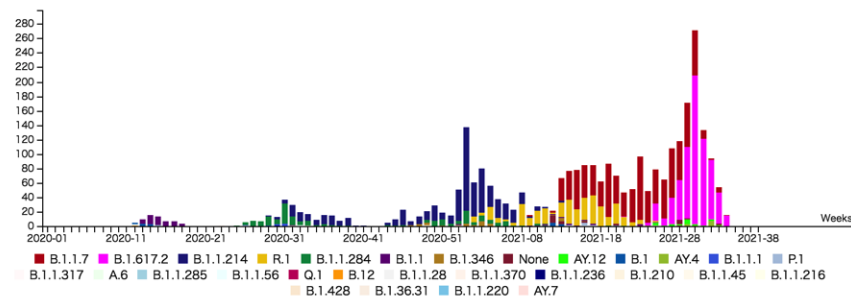
[Asia/Japan/Fukushima] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

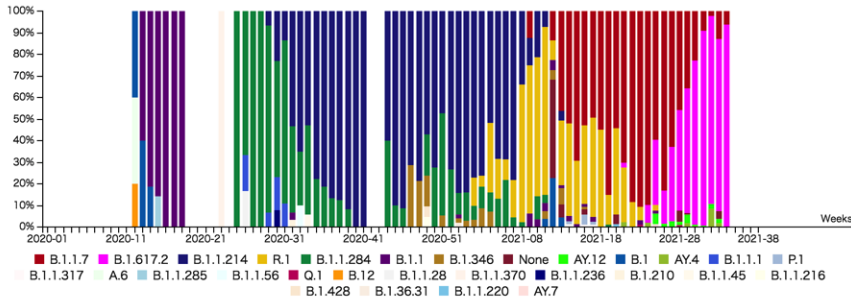
茨城県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



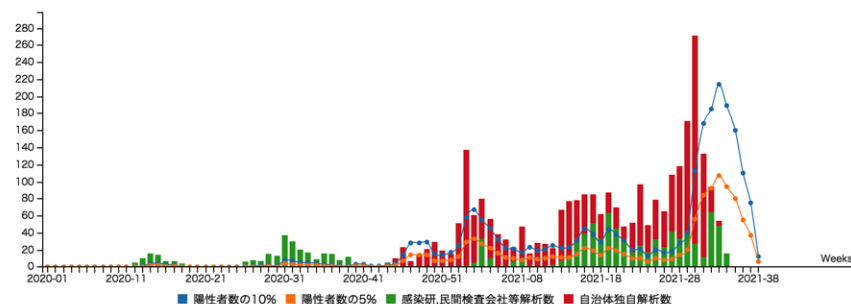
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

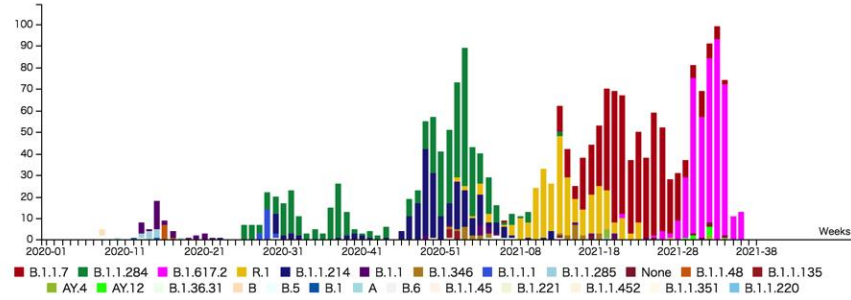
[Asia/Japan/Ibaraki] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

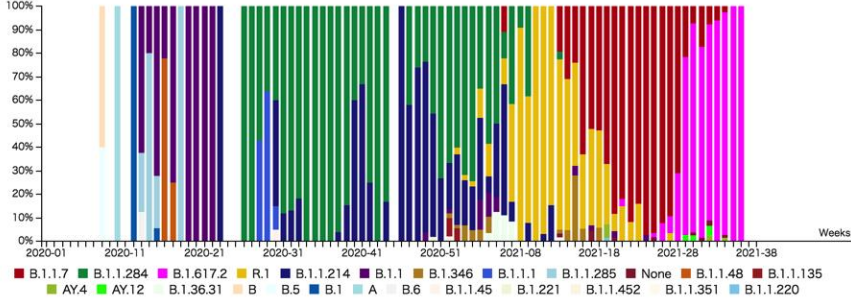
栃木県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



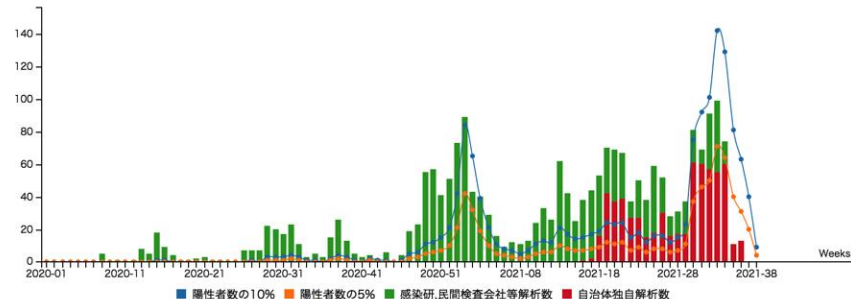
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

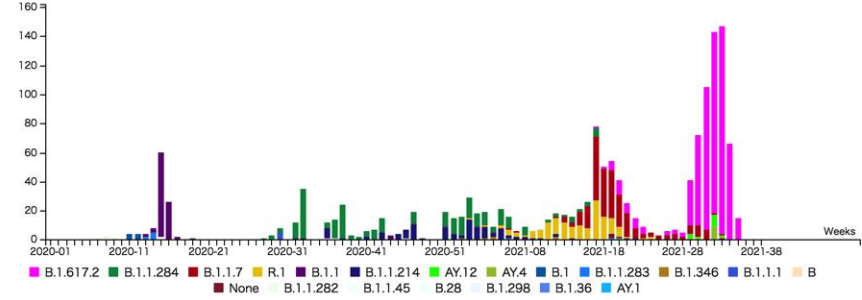
[Asia/Japan/Tochigi] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

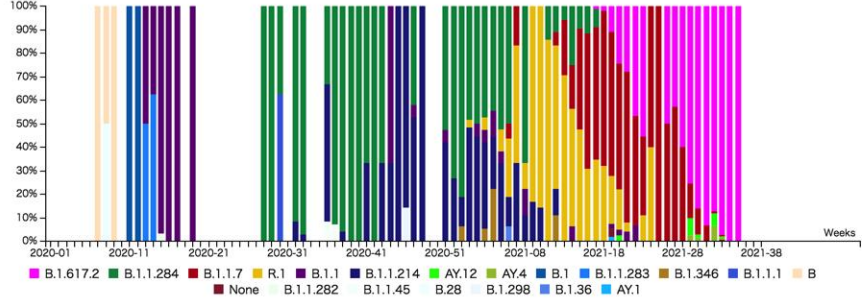
群馬県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



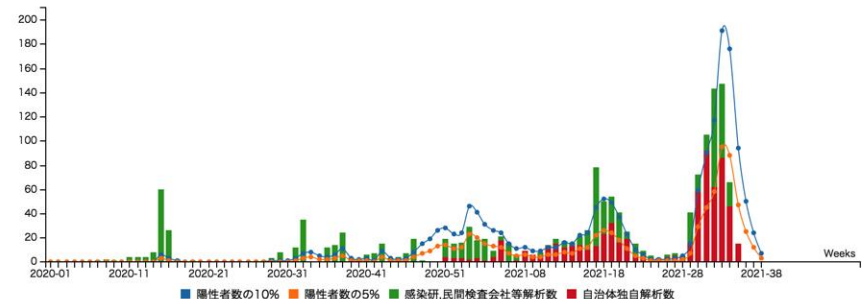
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

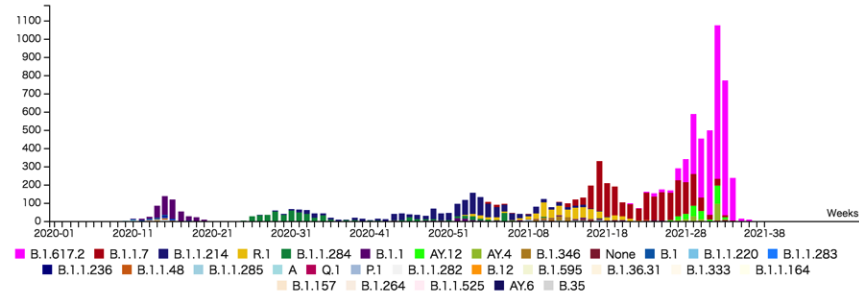


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>
 [ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。
 (いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。

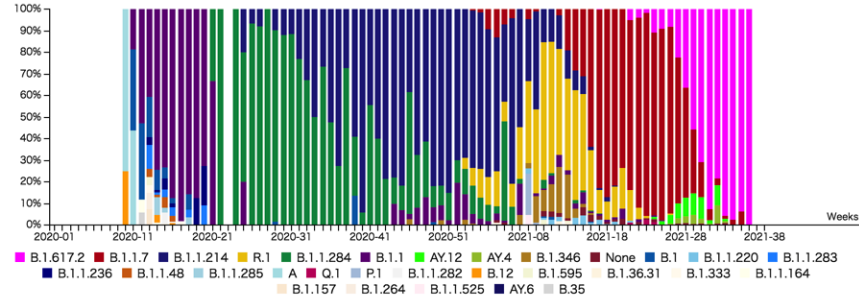
埼玉県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



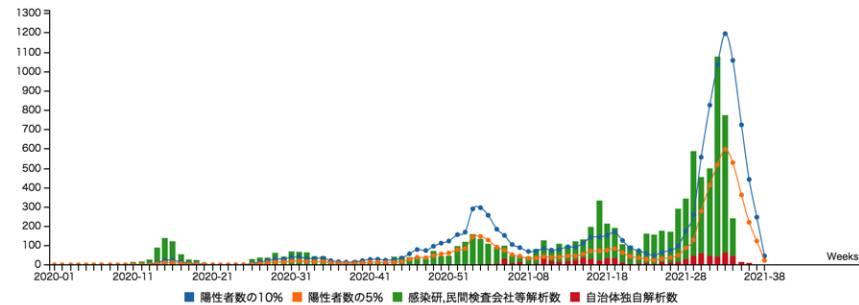
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

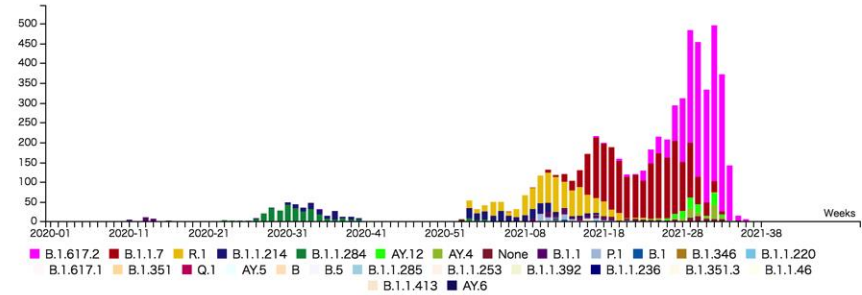
[Asia/Japan/Saitama] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

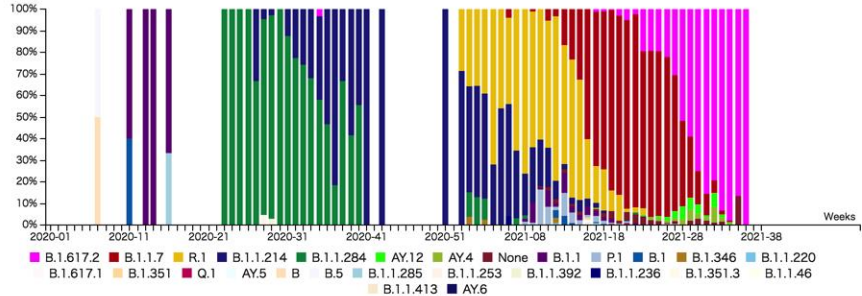
千葉県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



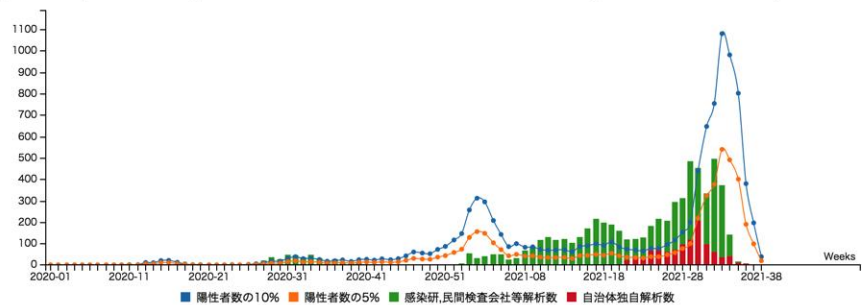
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

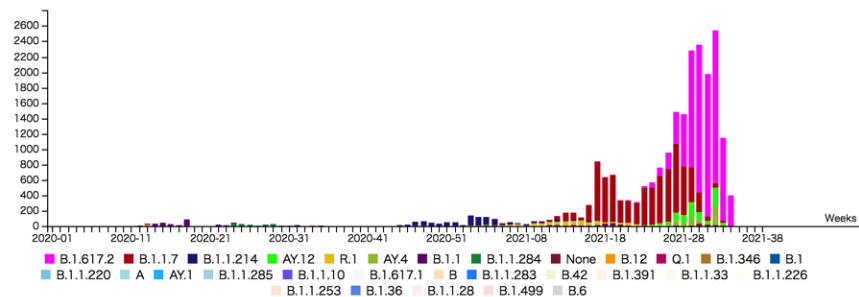


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>
 [ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。
 (いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※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

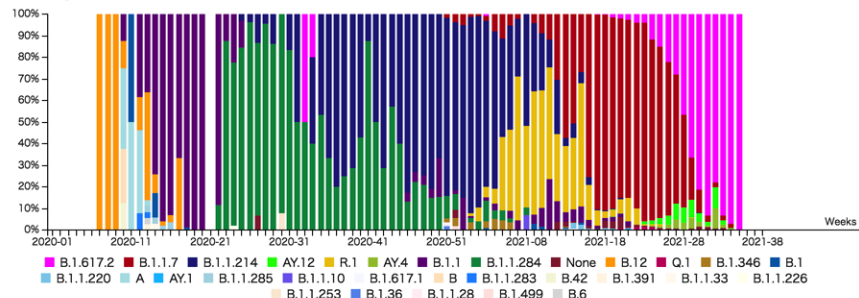
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

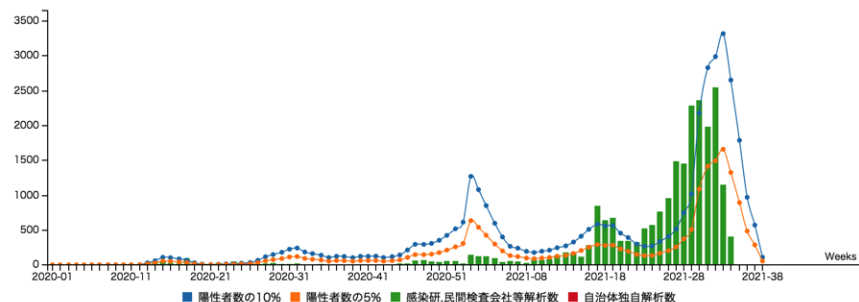
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



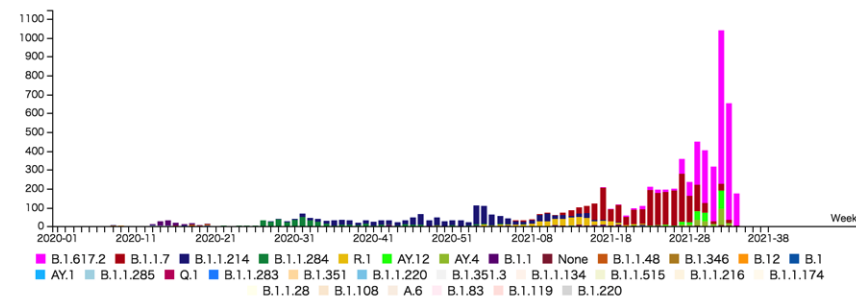
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

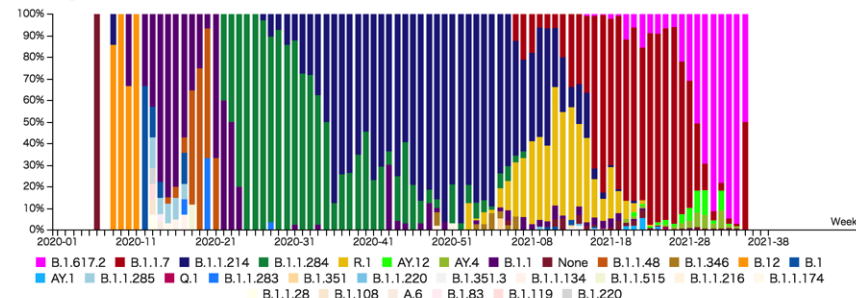
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

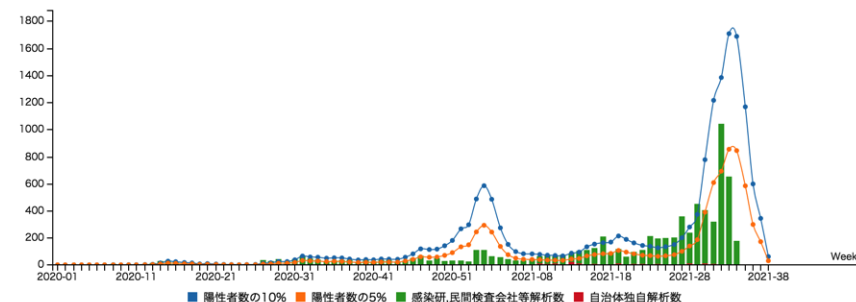
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



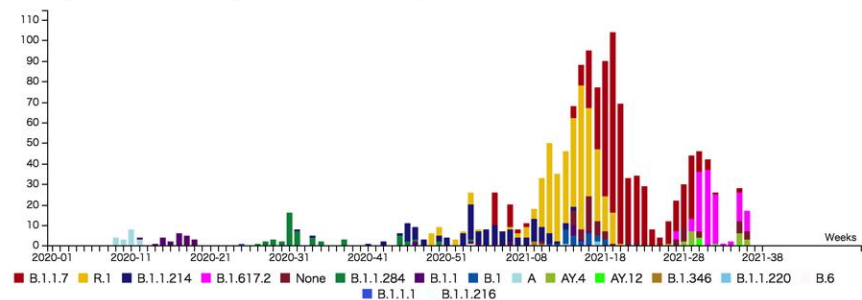
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

新潟県

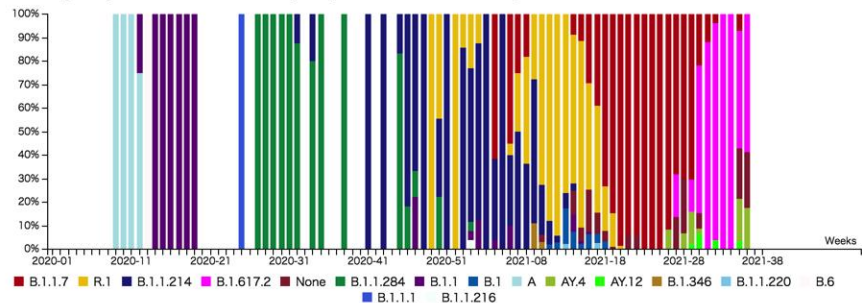
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

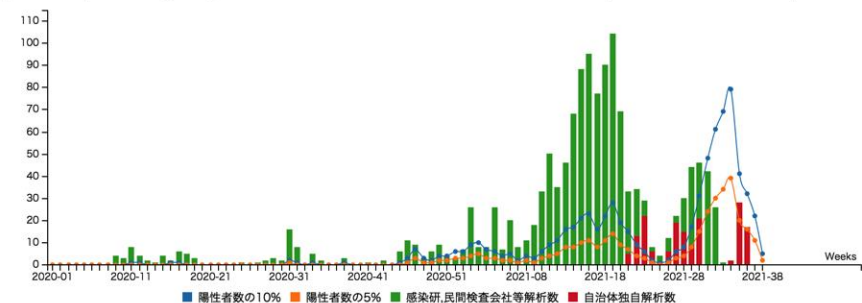
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



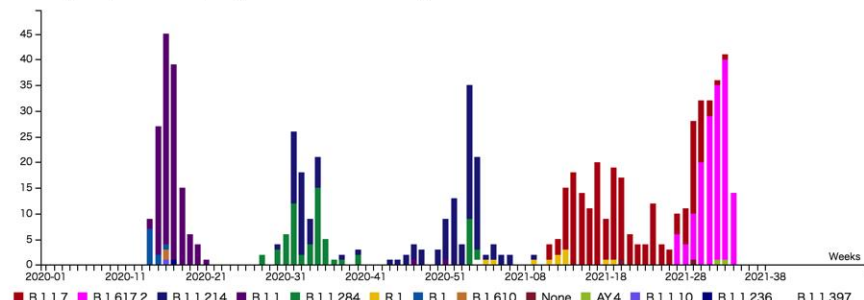
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

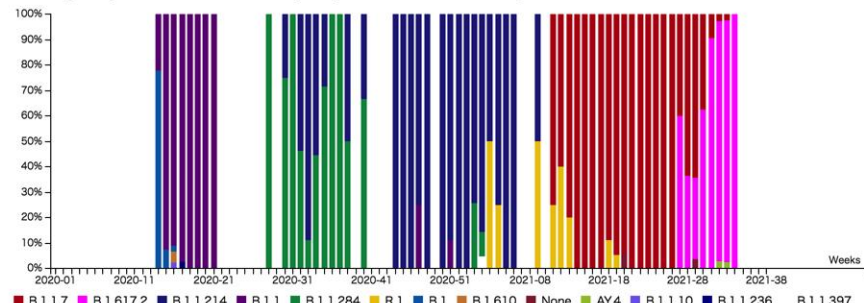
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

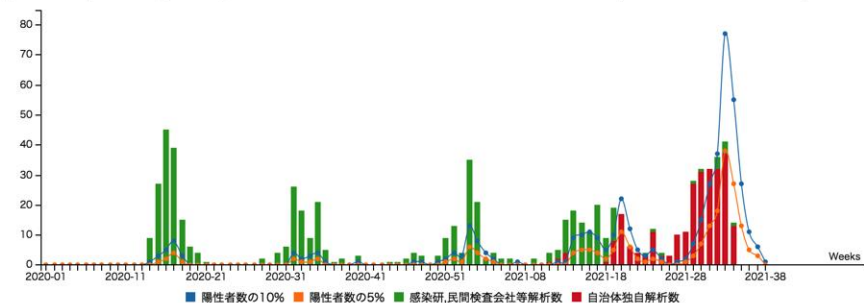
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



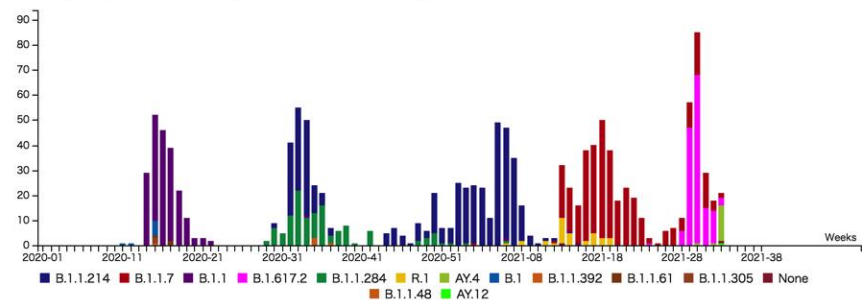
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

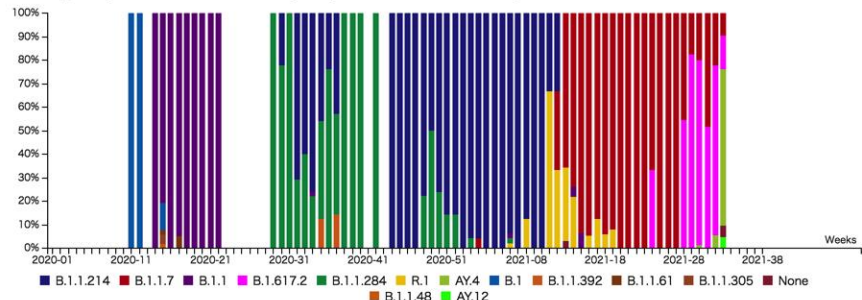
石川県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



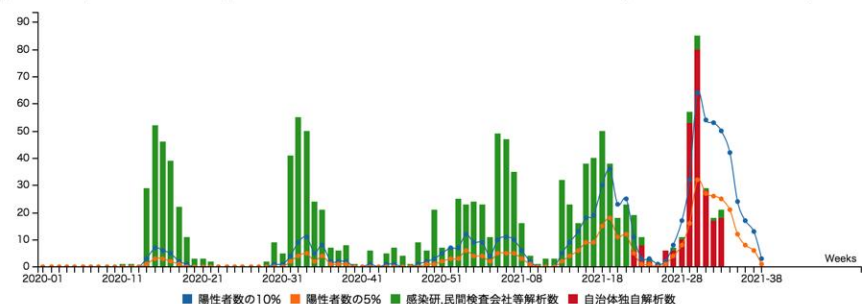
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

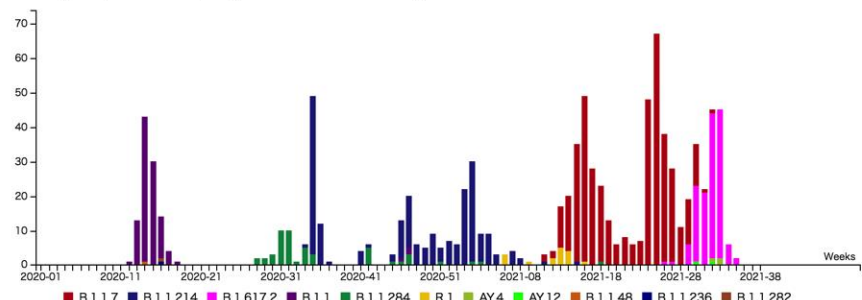
[Asia/Japan/Ishikawa] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

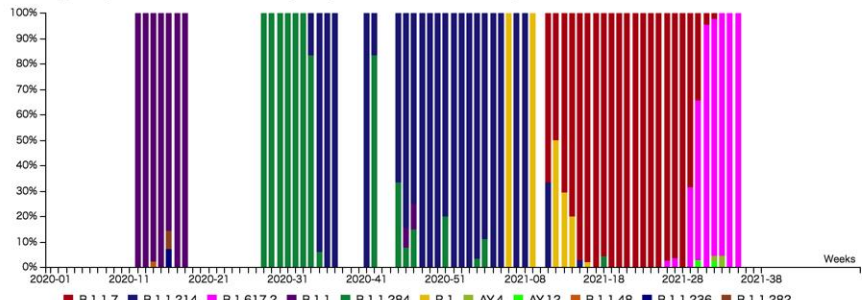
福井県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



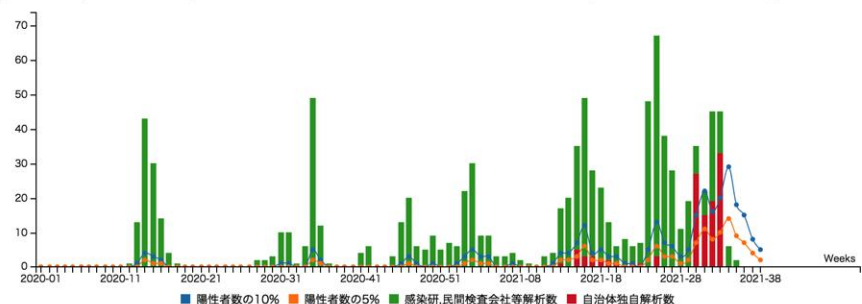
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

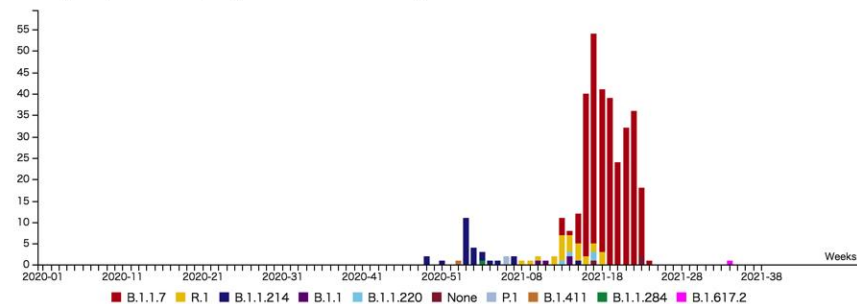


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>
 [ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。
 (いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。

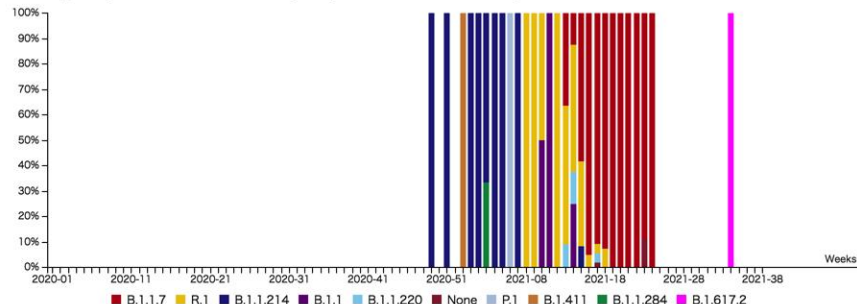
山梨県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



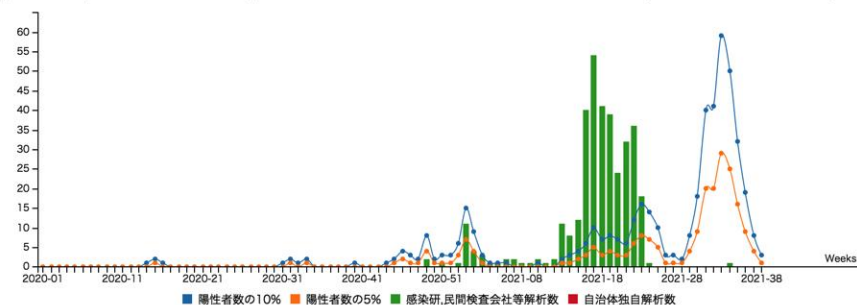
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

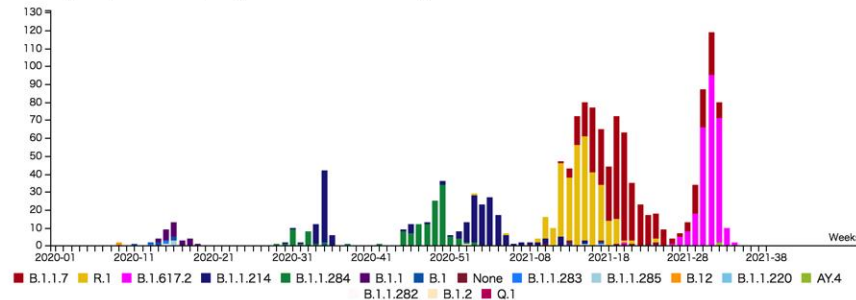
[Asia/Japan/Yamanashi] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

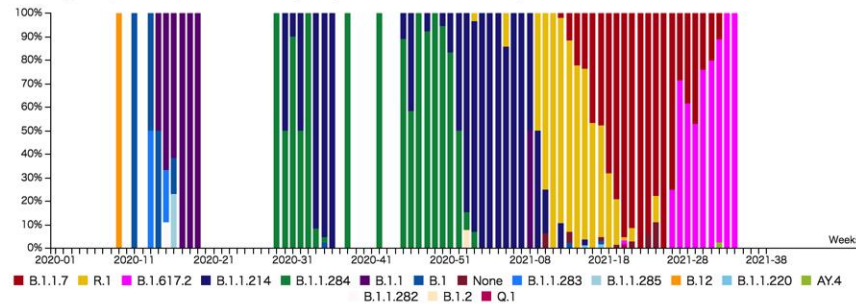
長野県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



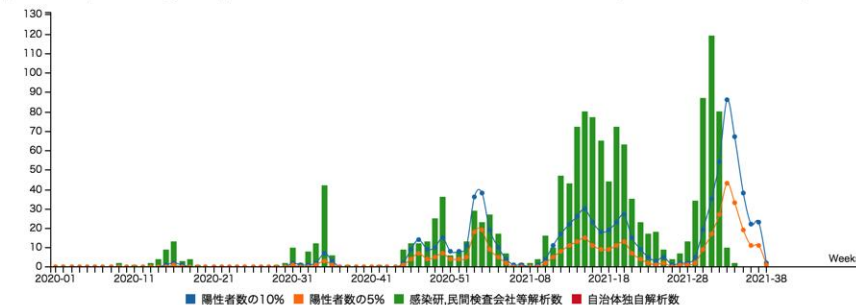
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
(ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

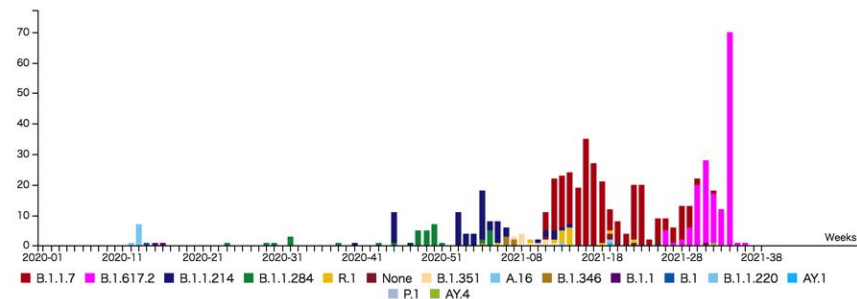
[Asia/Japan/Nagano] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

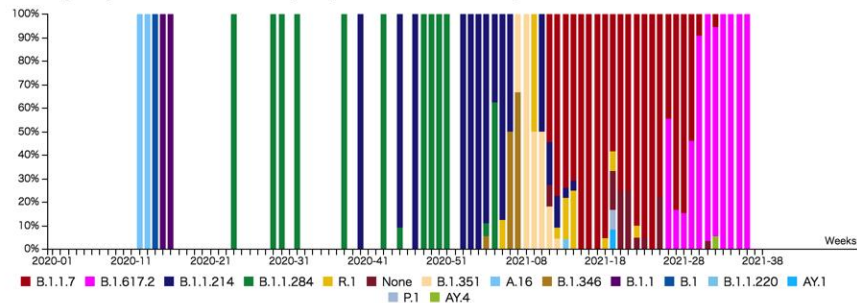
岐阜県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



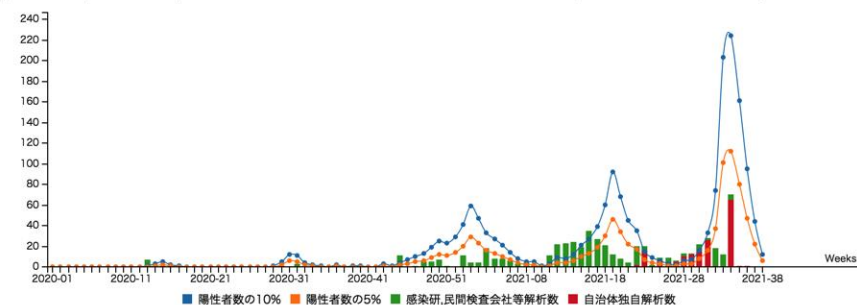
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

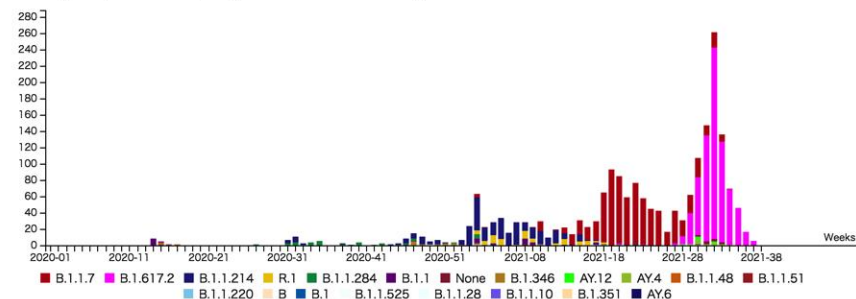
[Asia/Japan/Gifu] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

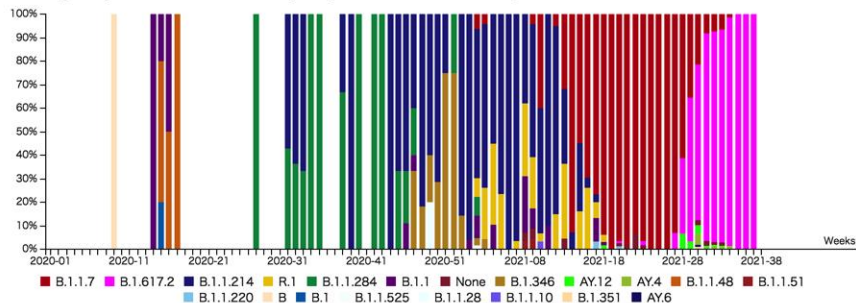
静岡県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



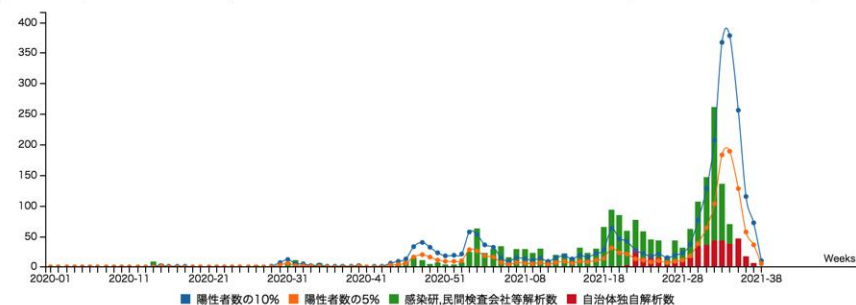
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

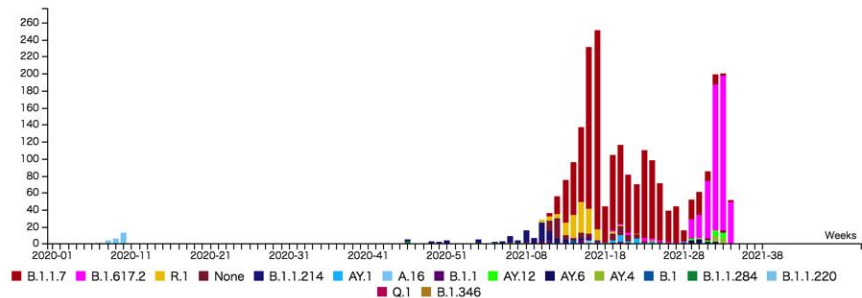
[Asia/Japan/Shizuoka] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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

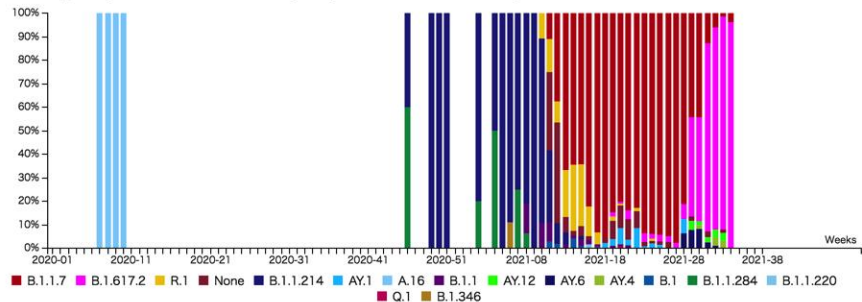
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

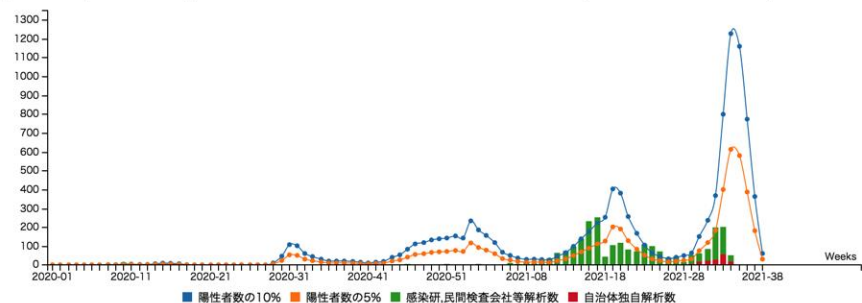
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



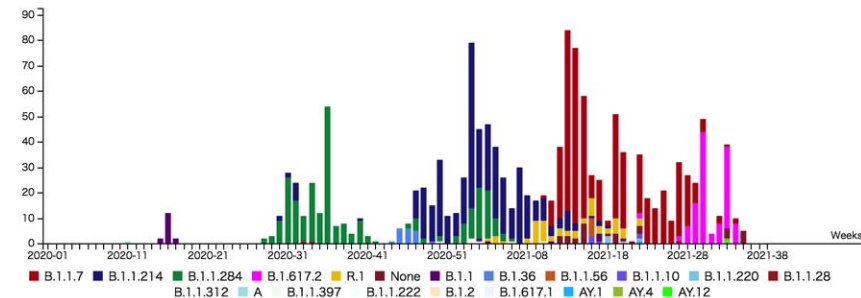
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

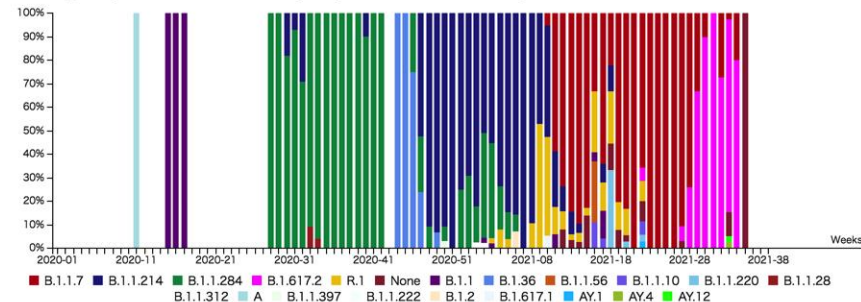
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

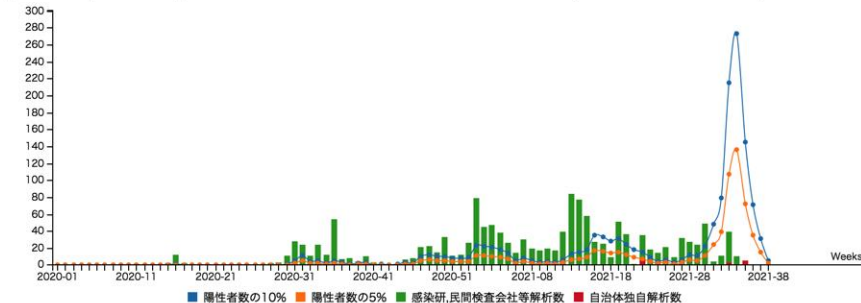
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



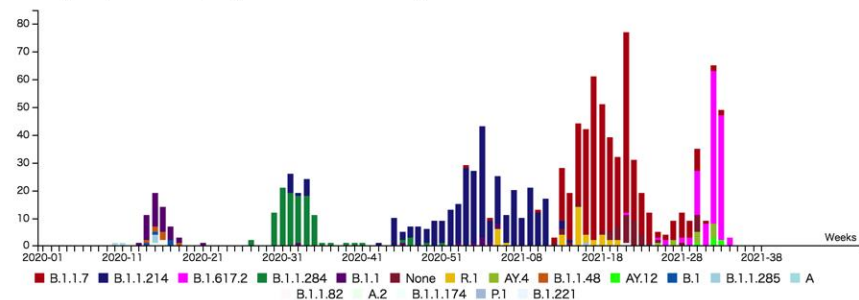
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

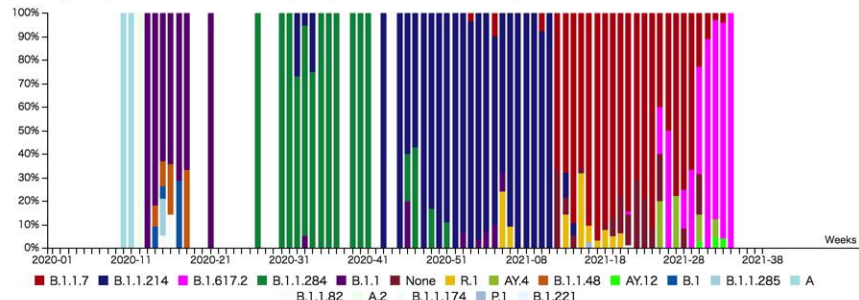
滋賀県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



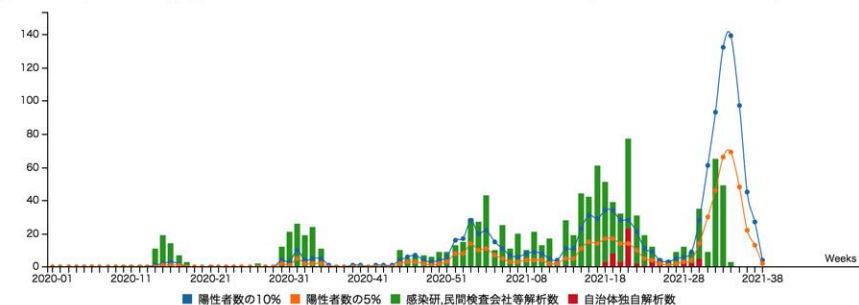
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

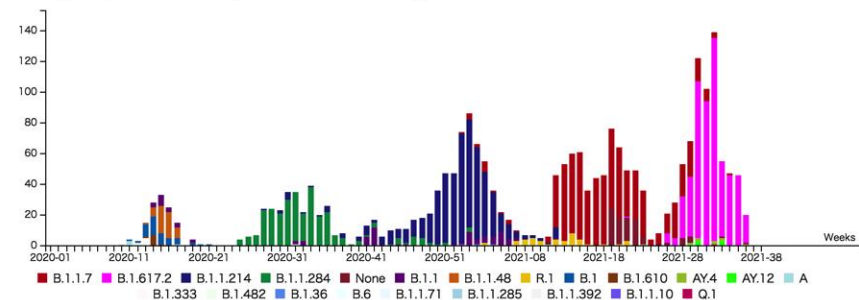
[Asia/Japan/Shiga] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

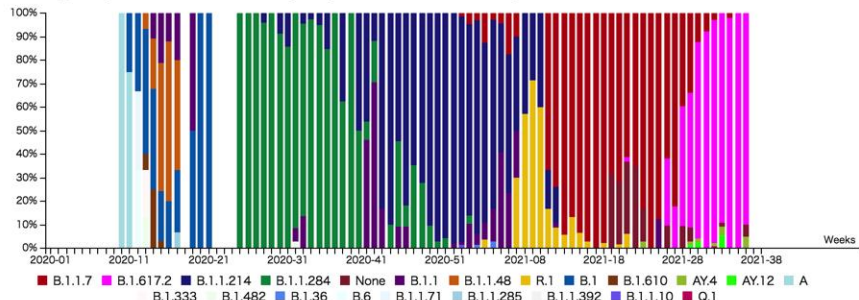
京都府

Weekly Top 30 Graph (count each week)



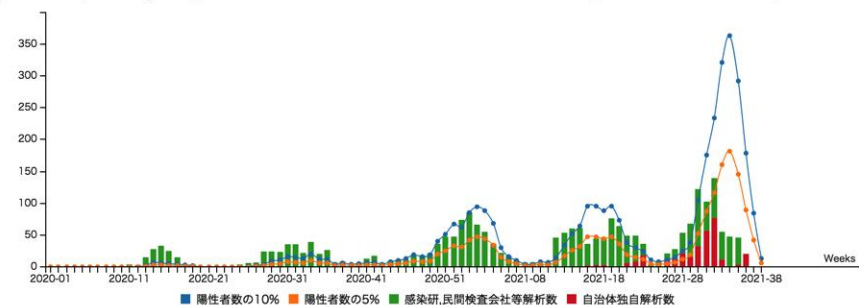
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

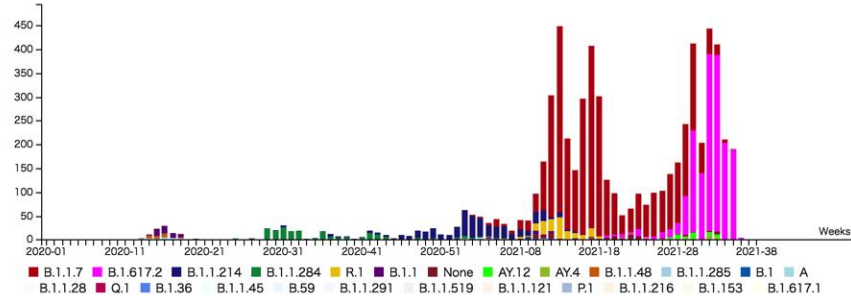
[Asia/Japan/Kyoto] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

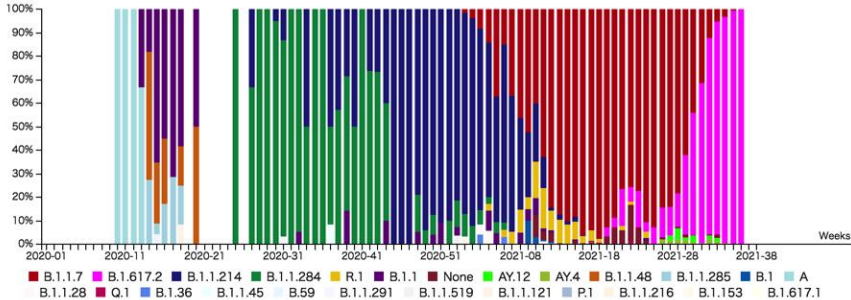
大阪府

Weekly Top 30 Graph (count each week)



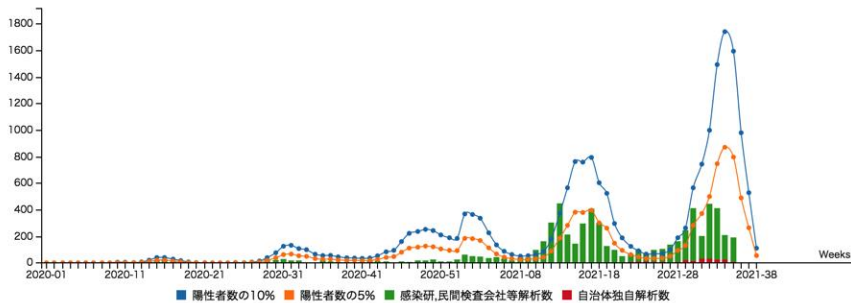
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

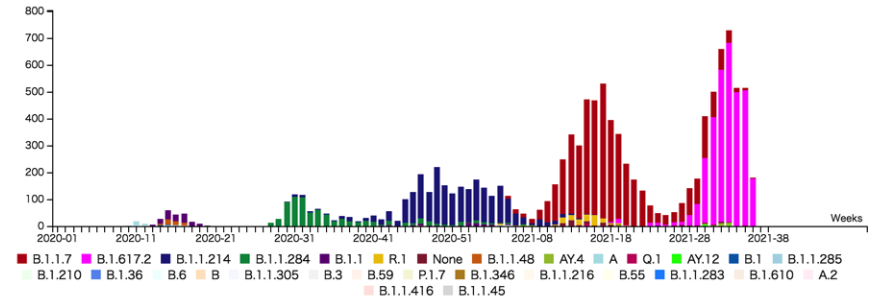
[Asia/Japan/Osaka] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

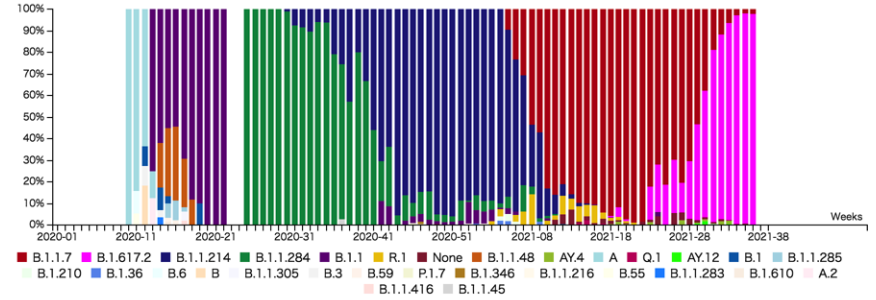
兵庫県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



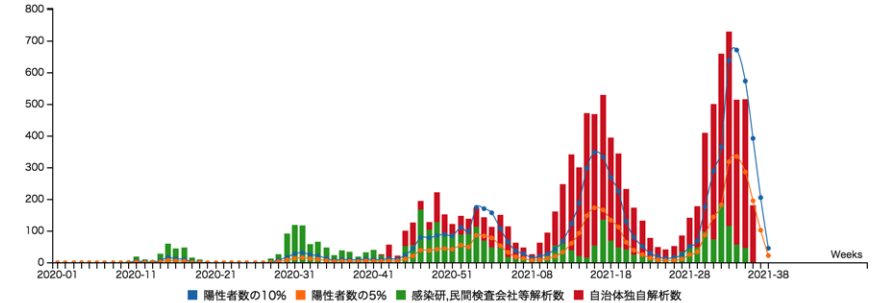
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

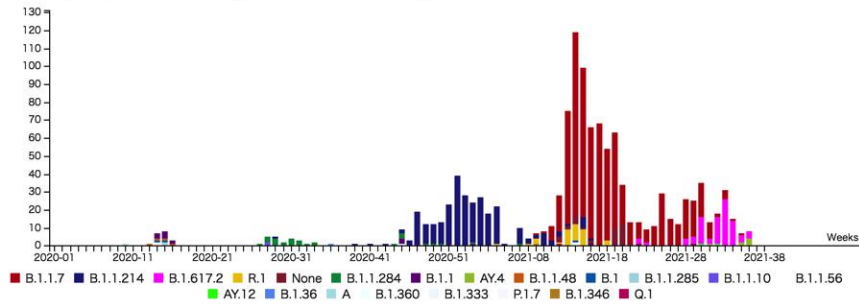
[Asia/Japan/Hyogo] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

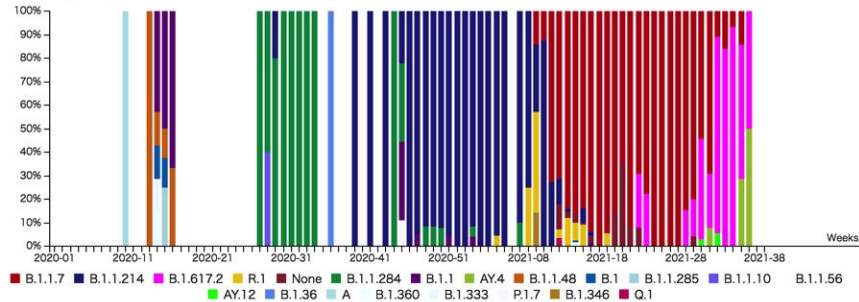
奈良県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



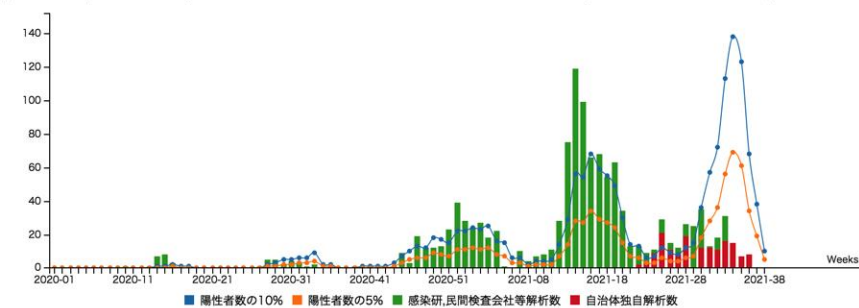
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

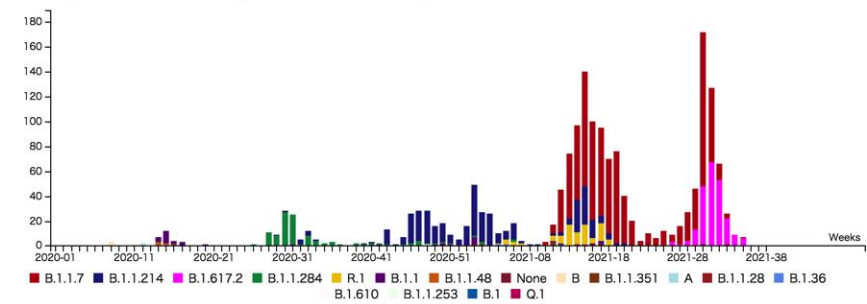
[Asia/Japan/Nara] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

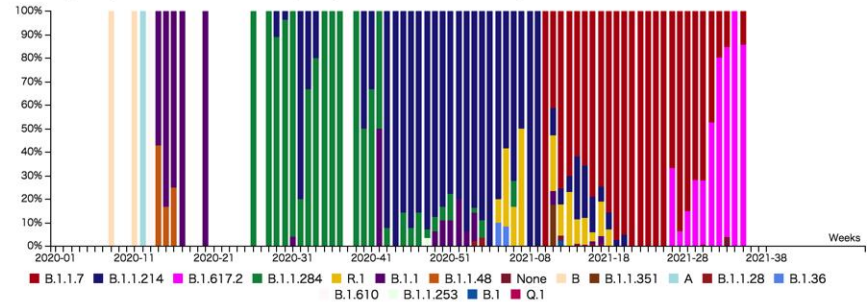
和歌山県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



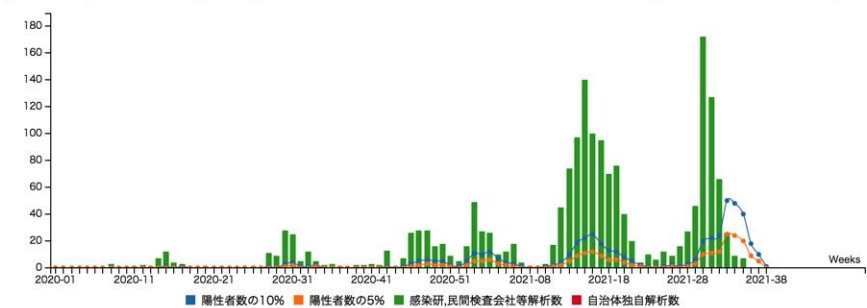
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

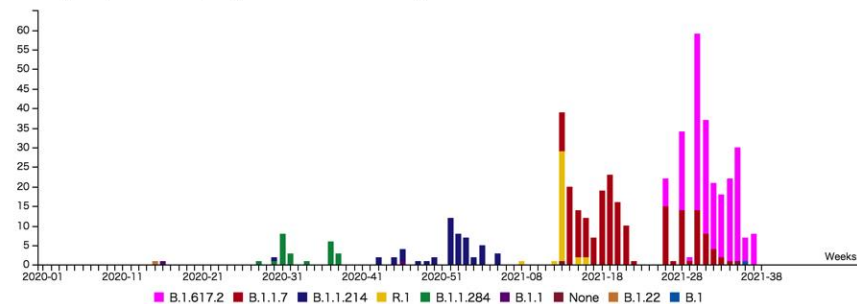
[Asia/Japan/Wakayama] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

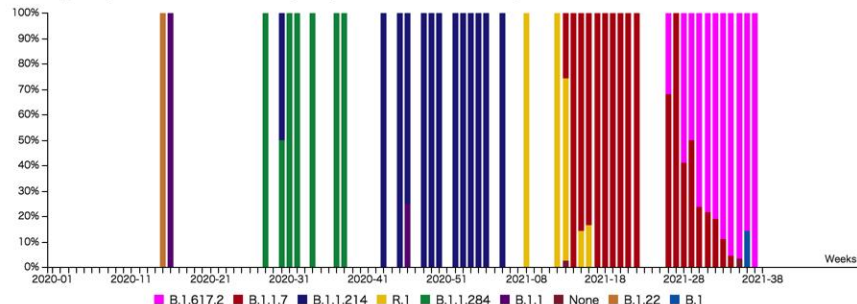
鳥取県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



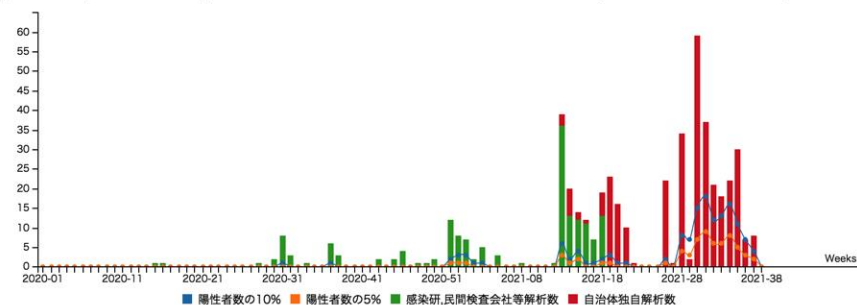
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

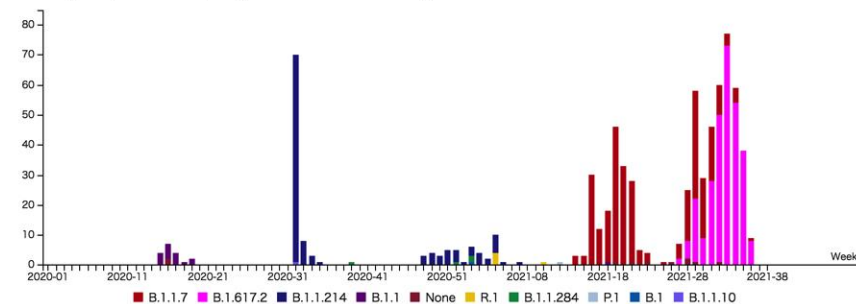
[Asia/Japan/Tottori] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

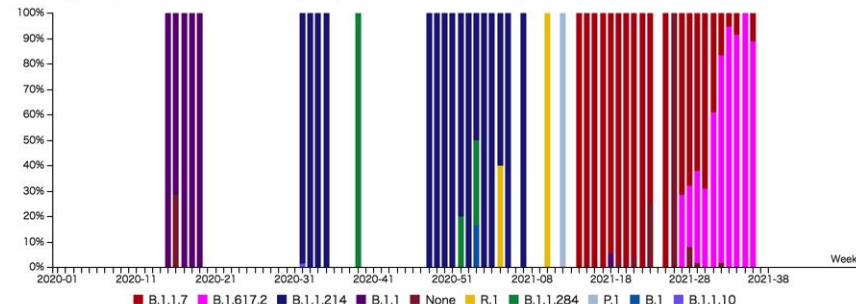
島根県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



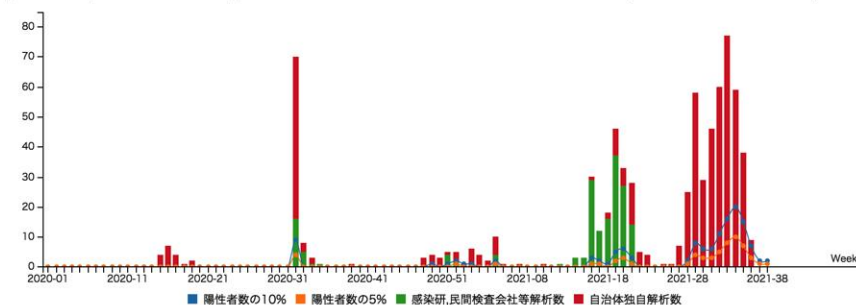
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

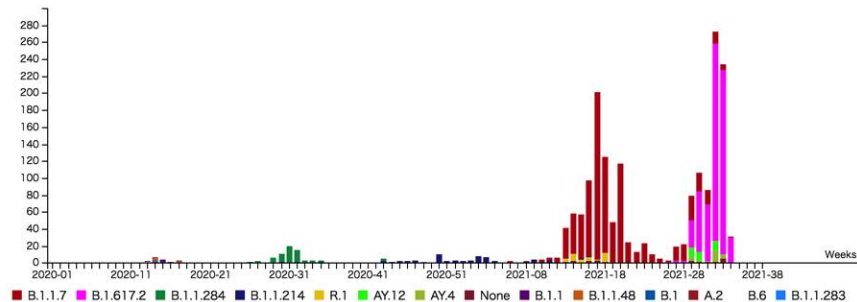
[Asia/Japan/Shimane] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

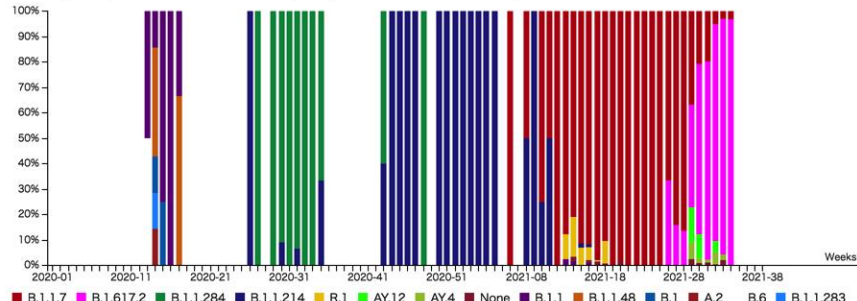
岡山県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



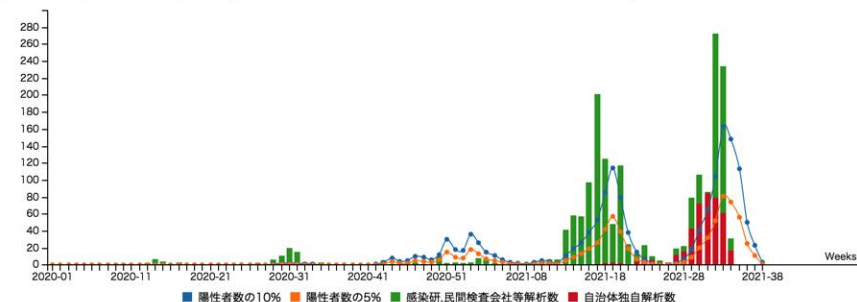
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

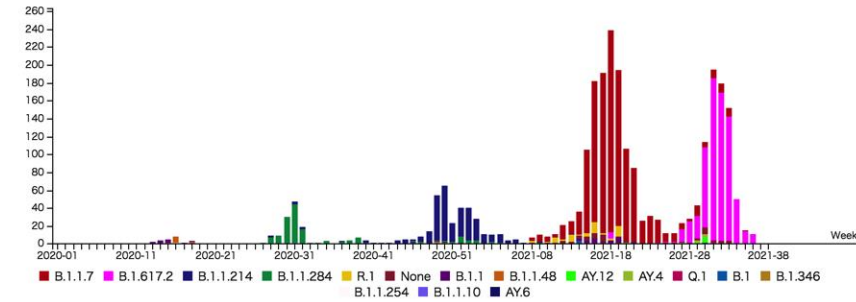
[Asia/Japan/Okayama] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

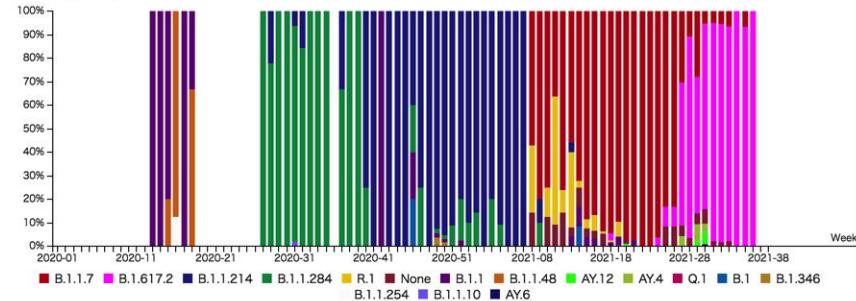
広島県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



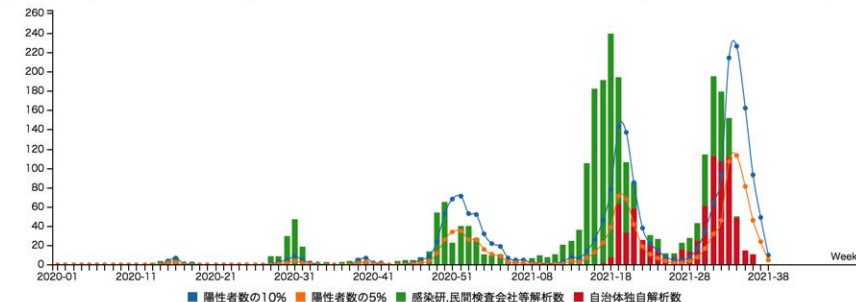
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

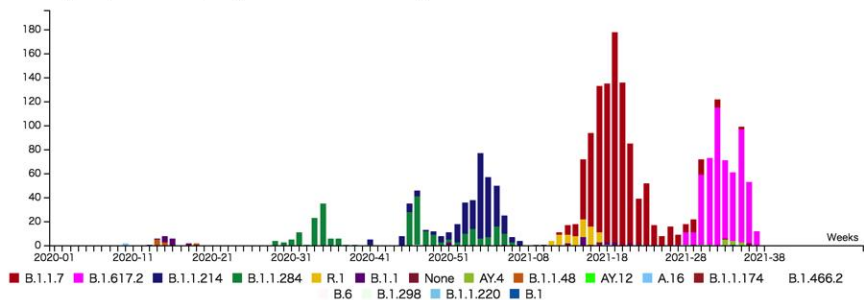
[Asia/Japan/Hiroshima] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

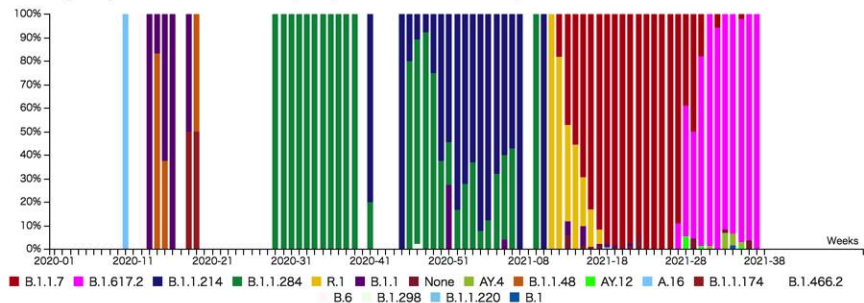
山口県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



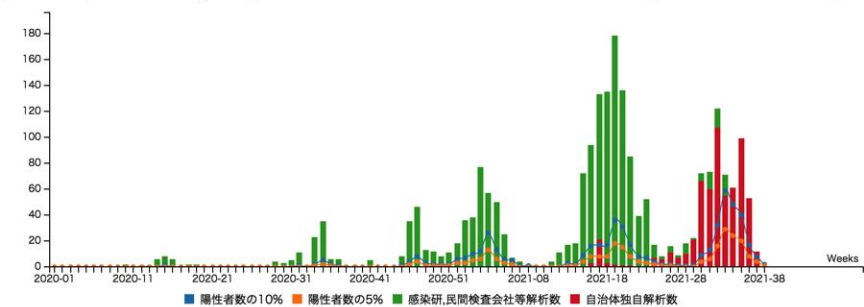
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

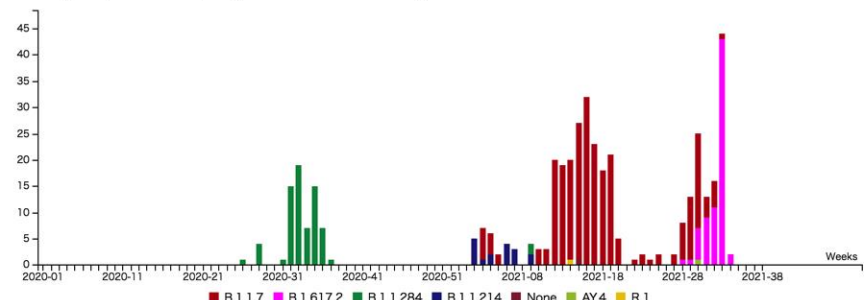
[Asia/Japan/Yamaguchi] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

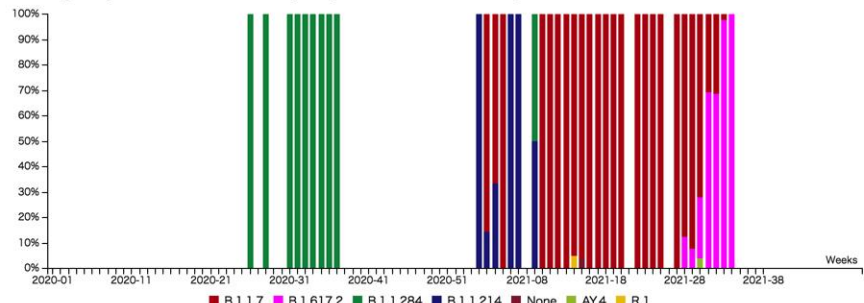
徳島県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



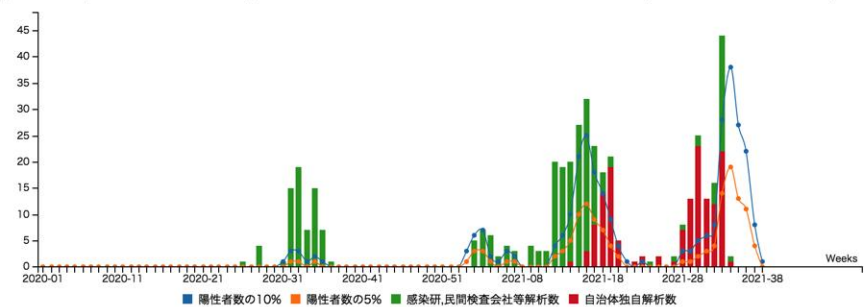
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

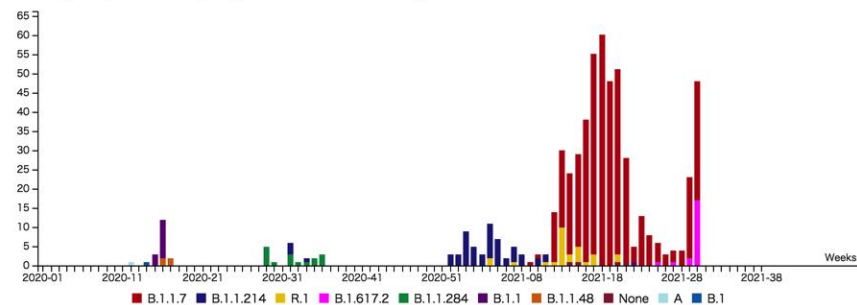
[Asia/Japan/Tokushima] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

香川県

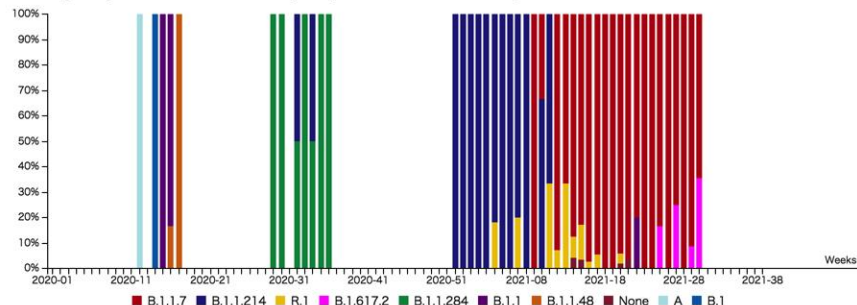
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

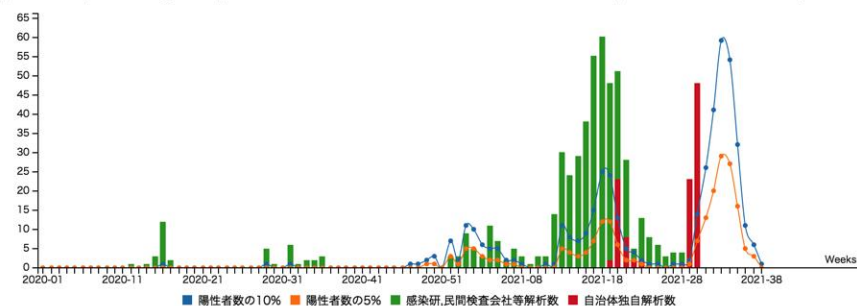
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



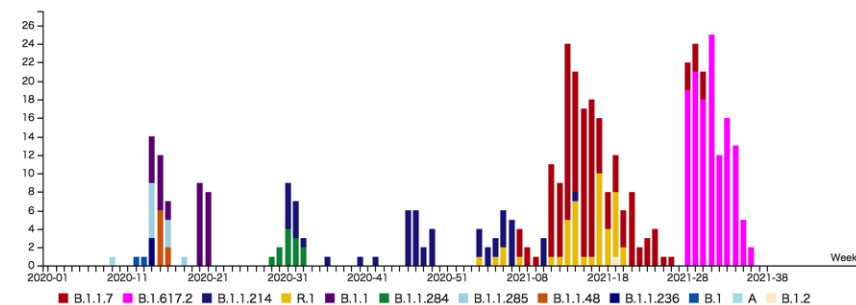
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

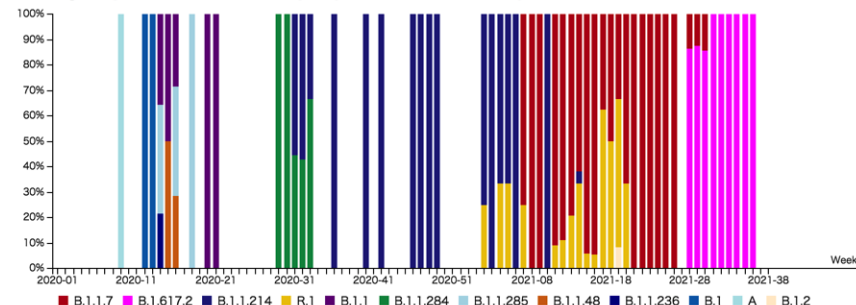
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

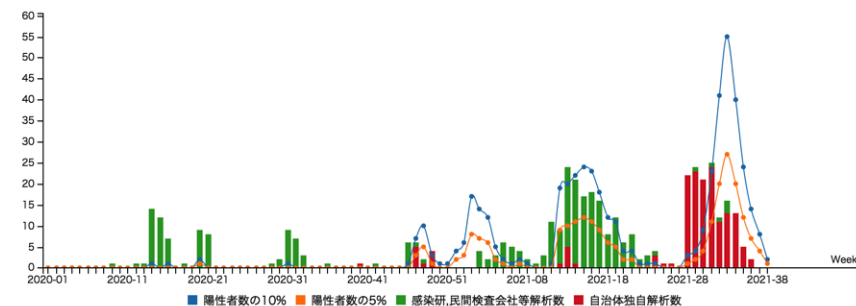
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



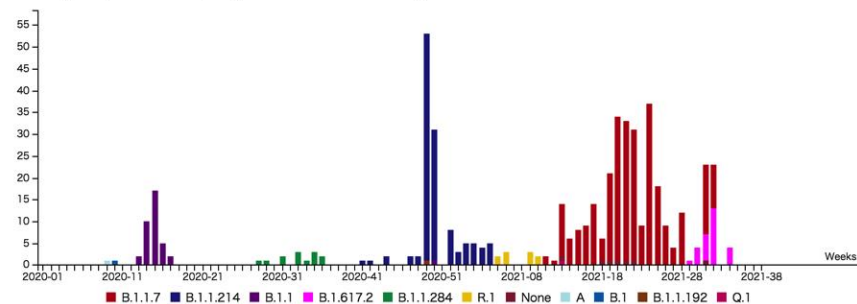
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

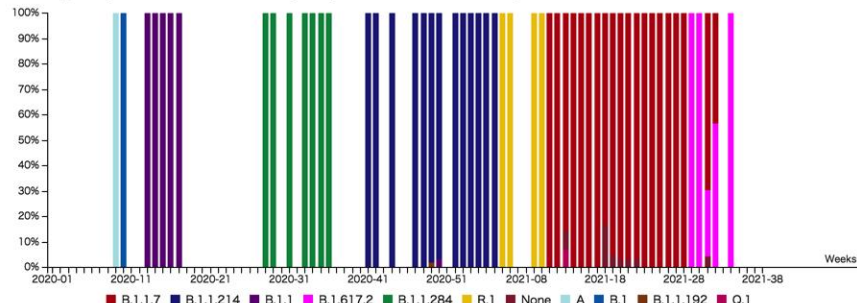
高知県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



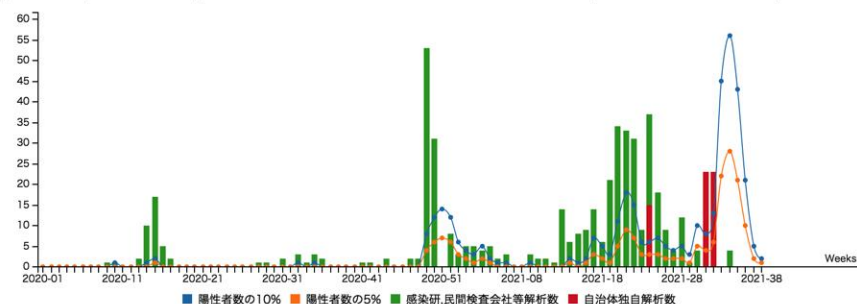
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

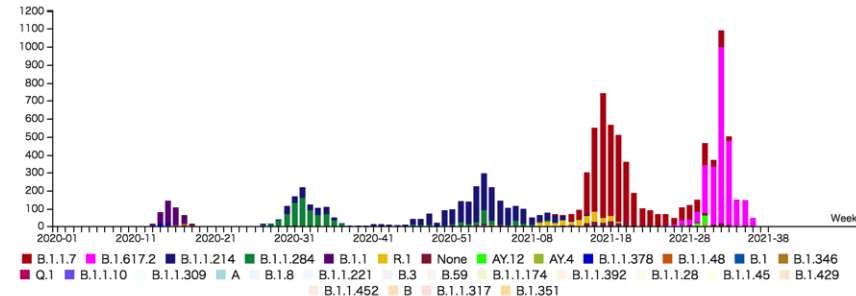
[Asia/Japan/Kochi] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

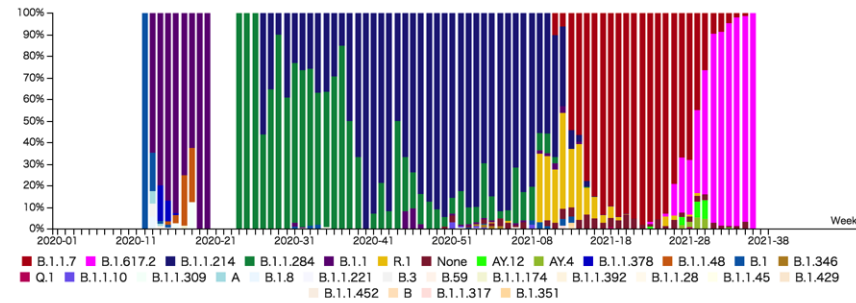
福岡県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



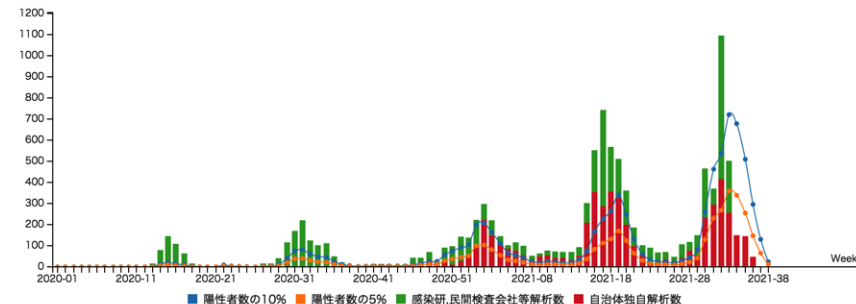
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

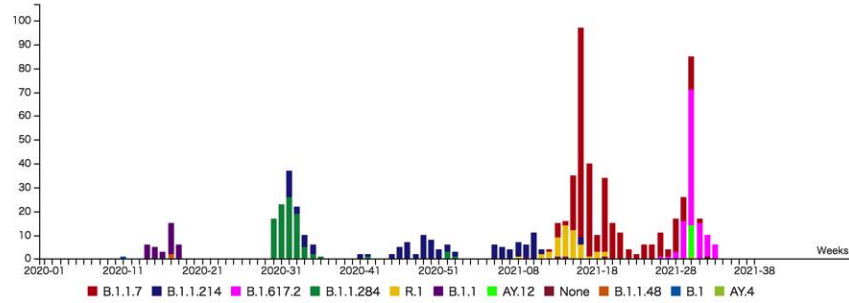
[Asia/Japan/Fukuoka] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

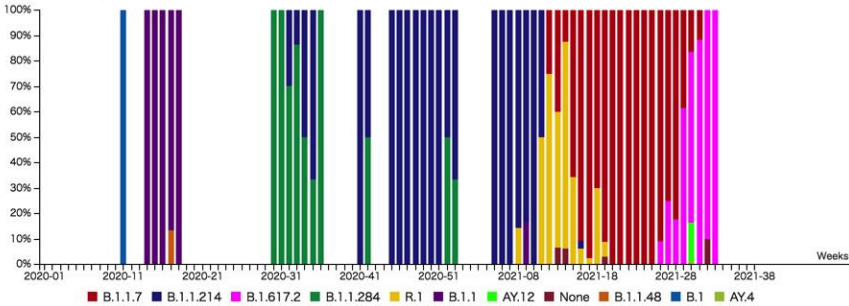
佐賀県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



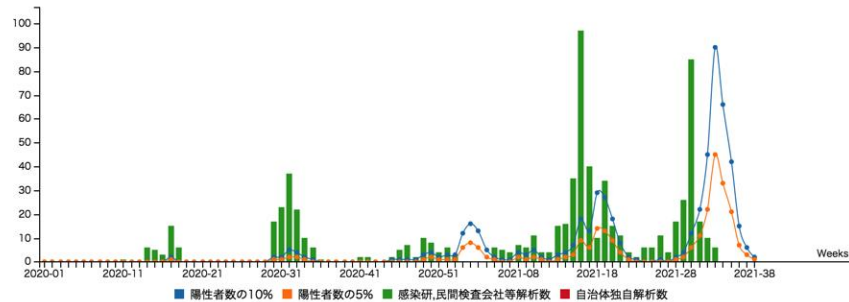
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

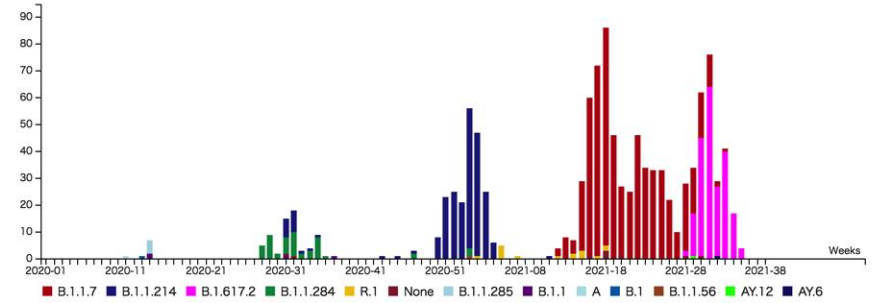
[Asia/Japan/Saga] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

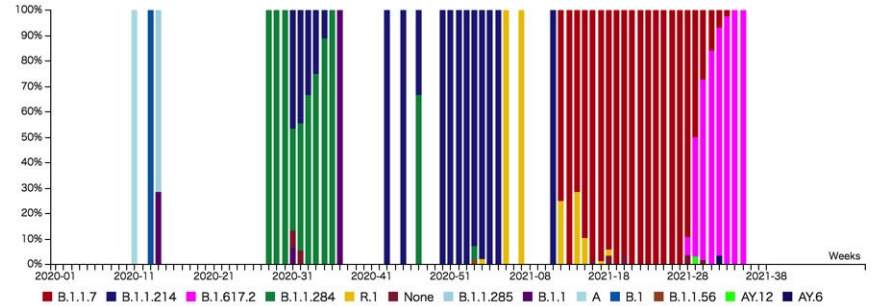
長崎県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



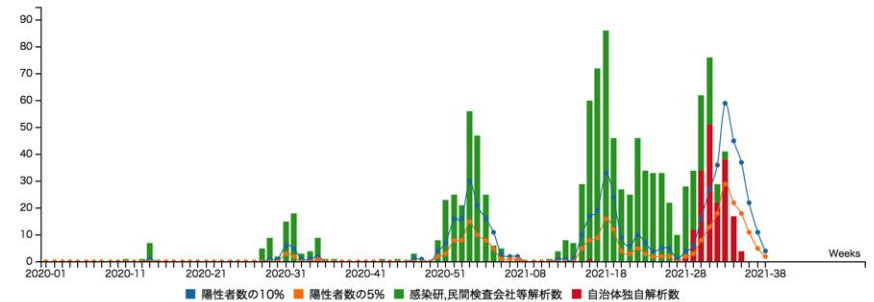
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

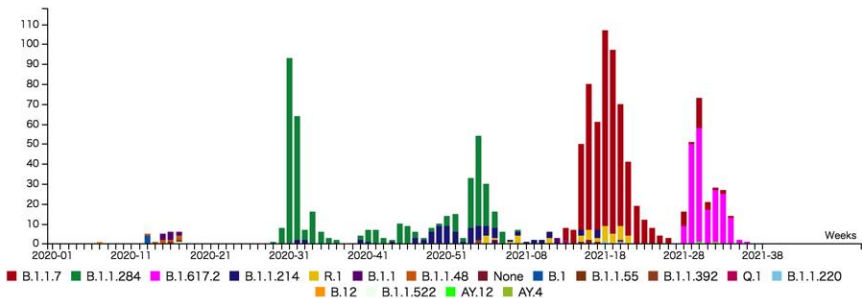
[Asia/Japan/Nagasaki] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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

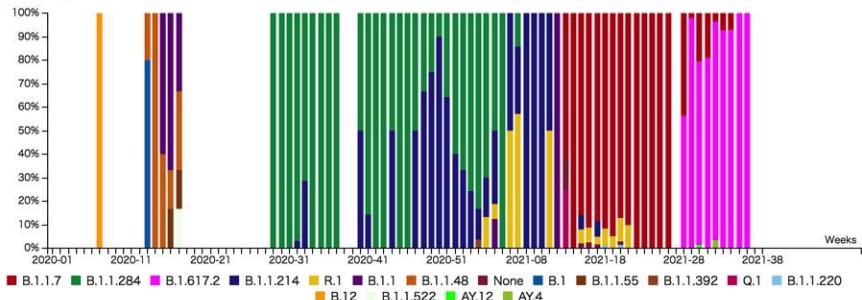
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

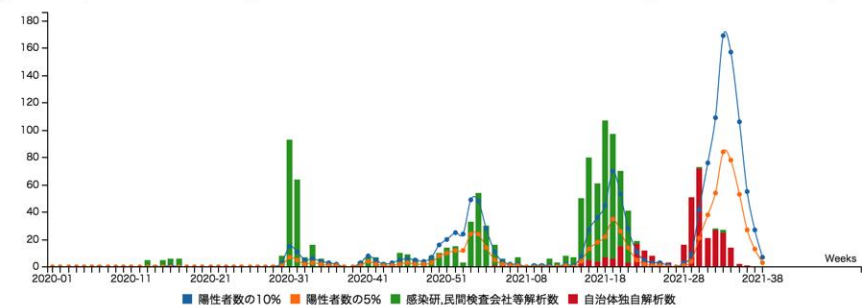
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



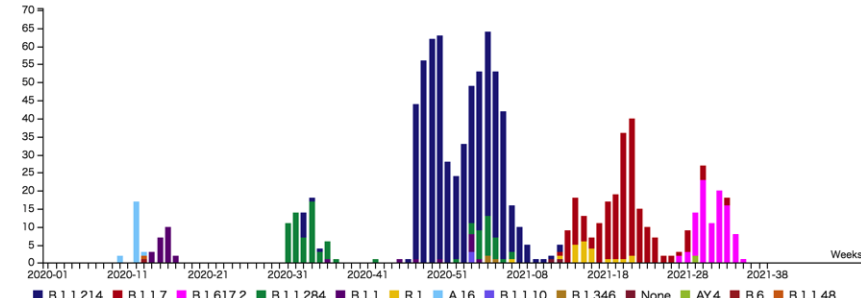
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

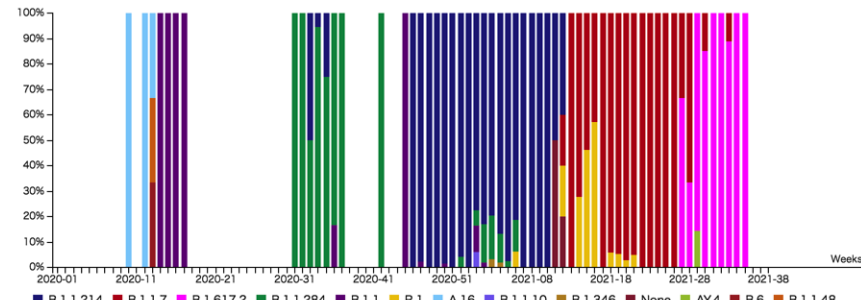
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

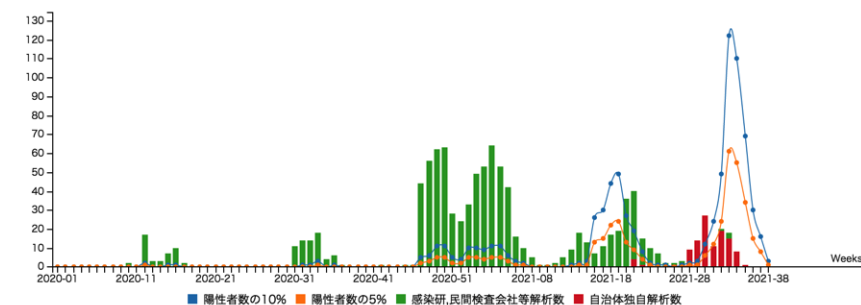
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



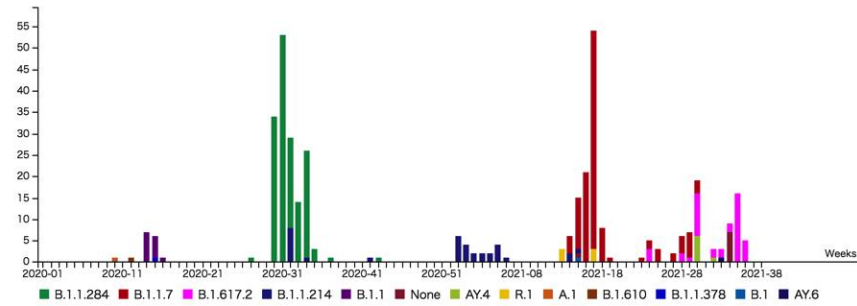
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

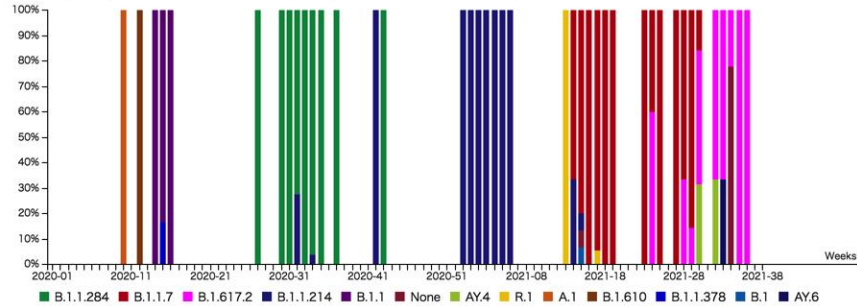
宮崎県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



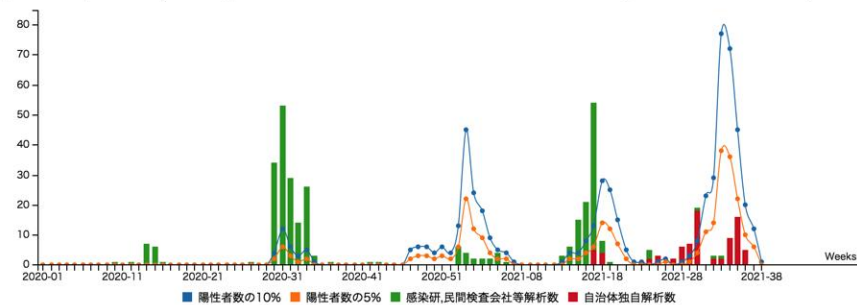
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

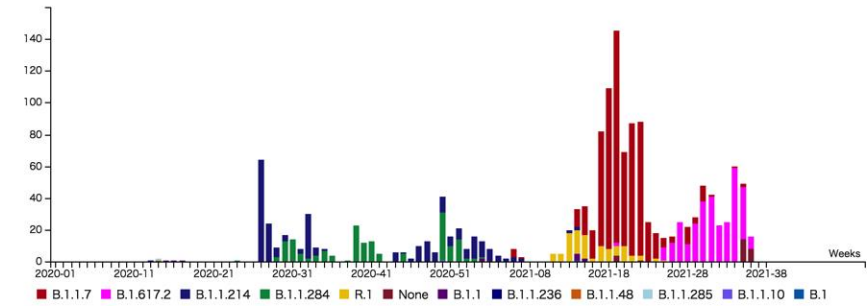
[Asia/Japan/Miyazaki] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

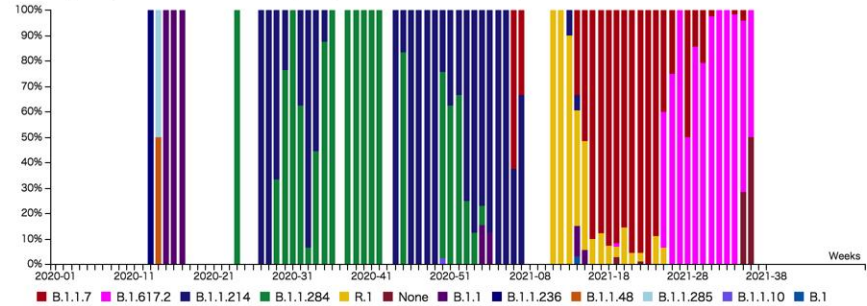
鹿児島県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



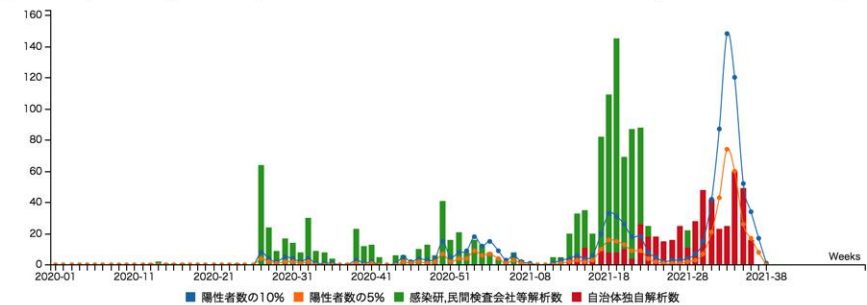
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

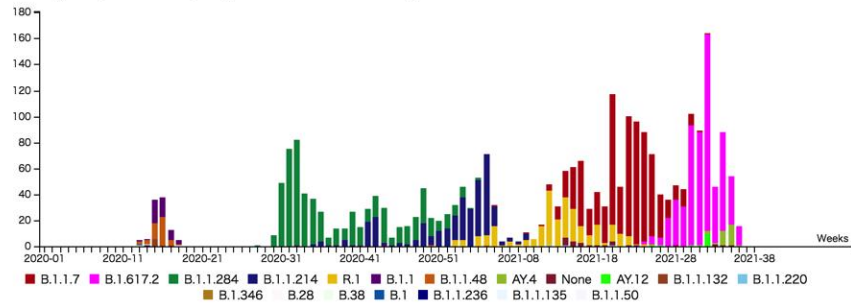
[Asia/Japan/Kagoshima] 陽性者数の10%・5% / ゲノム確定数 (count each week)



[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

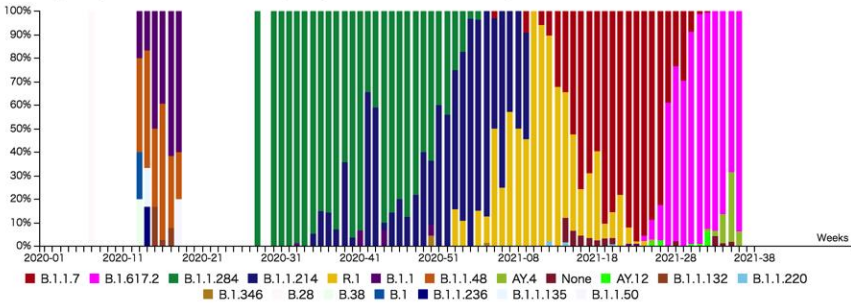
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

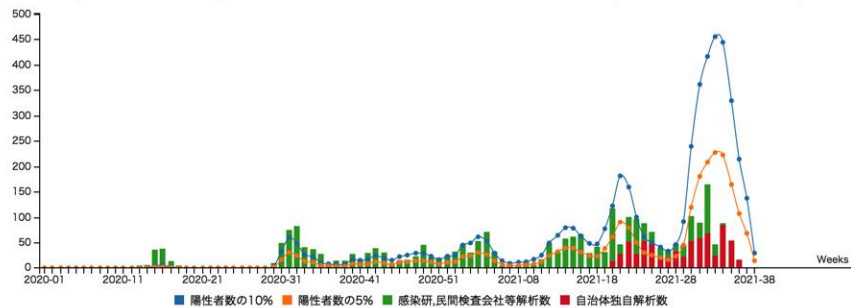
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

水際対策上特に対応すべき変異株等に対する指定国・地域について
(要旨)

令和3年9月9日付けの新型コロナウイルス感染症対策の基本的対処方針に記述されており、今後も新たな変異株が発生しうることを見据え、新型コロナウイルスを「水際対策上特に対応すべき変異株」と従来株を含むそれ以外の新型コロナウイルスに分類することとし、指定国・地域の指定について、新たな変異株に関する知見、当該国・地域における流行状況、日本への流入状況などのリスク評価、ワクチンの有効性等に基づき、総合的に判断し、これらの国・地域からの入国者及び帰国者にそれぞれ追加的に防疫措置等を講じることとします。具体的には、令和3年9月20日午前0時より、以下の措置等を実施いたします。

1. 以下の8系統の変異株を、「水際対策上特に対応すべき変異株」に指定します。

- ・ 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)
- ・ B. 1. 525 系統の変異株 (イータ株)
- ・ B. 1. 526 系統の変異株 (イオタ株)
- ・ B. 1. 617. 1 系統の変異株 (カップタ株)
- ・ C. 37 系統の変異株 (ラムダ株)
- ・ B. 1. 621 系統の変異株 (ミュー株)

2. 以下の44か国・地域を、「水際対策上特に対応すべき変異株に対する指定国・地域」に指定し、これらの国・地域からのすべての入国者及び帰国者については、検疫所長の指定する場所(検疫所が確保する宿泊施設に限る)で3日間待機いただき、入国後3日目に改めて検査を受けていただきます。

アフガニスタン、アラブ首長国連邦、アルゼンチン、インド、インドネシア、ウルグアイ、英国、エクアドル、カザフスタン、キューバ、ギリシャ、キルギス、コスタリカ、コロンビア、ザンビア、ジョージア、スペイン、スリナム、スリランカ、セーシェル、タンザニア、チリ、デンマーク、ドミニカ共和国、トリニダード・トバゴ、トルコ、ネパール、パキスタン、パラグアイ、バングラデシュ、フィリピン、ブラジル、ベネズエラ、ペルー、ベルギー、ボリビア、ポルトガル、マレーシア、南アフリカ共和国、ミャンマー、モザンビーク、モルディブ、リビア、ロシア(モスクワ市)

3. 以下の2か国・地域を、「水際対策上特に対応すべき変異株以外の新型コロナウイルスに対する指定国・地域」に指定し、これらの国・地域からのすべての入国者及び帰国者については、検疫所長の指定する場所(検疫所が確保する宿泊施設に限る)で3日間待機いただき、入国後3日目に改めて検査を受けていただきます。

ウズベキスタン、ロシア(ハバロフスク地方)

詳細は、別紙の「水際対策強化に係る新たな措置(17)」をご参照ください。

水際対策強化に係る新たな措置（17）
（水際対策上特に対応すべき変異株等に対する指定国・地域について）

令和3年9月17日

1. 水際対策上特に対応すべき変異株に対する指定国・地域

水際対策上特に対応すべき変異株に関する知見、各国・地域における流行状況、日本への流入状況などのリスク評価、ワクチンの有効性等を踏まえ、各国・地域からの流入リスクを総合的に判断し、本措置に基づく別途の指定に沿って、「水際対策上特に対応すべき変異株に対する指定国・地域」として、下記の追加的措置を実施することとする。

(1) 別途指定する国・地域からのすべての入国者及び帰国者に対し、当分の間、検疫所長の指定する場所（検疫所が確保する宿泊施設に限る）での10日間の待機を求める。その上で、入国後3日目、6日目及び10日目に改めて検査を行い、いずれの検査においても陰性と判定された者については、検疫所が確保する宿泊施設を退所し、入国後14日目までの間自宅等での待機を求めることとする。

また、このうち別途指定する国・地域からの在留資格保持者の再入国は、当分の間、特段の事情がない限り、拒否することとする。

(2) 別途指定する国・地域からのすべての入国者及び帰国者に対し、当分の間、検疫所長の指定する場所（検疫所が確保する宿泊施設に限る）での6日間の待機を求める。その上で、入国後3日目及び6日目に改めて検査を行い、いずれの検査においても陰性と判定された者については、検疫所が確保する宿泊施設を退所し、入国後14日目までの間自宅等での待機を求めることとする。

また、このうち別途指定する国・地域からの在留資格保持者の再入国は、当分の間、特段の事情がない限り、拒否することとする。

(3) 別途指定する国・地域からのすべての入国者及び帰国者に対し、当分の間、検疫所長の指定する場所（検疫所が確保する宿泊施設に限る）での3日間の待機を求める。その上で、入国後3日目に改めて検査を行い、陰性と判定された者については、検疫所が確保する宿泊施設を退所し、入国後14日目までの間自宅等での待機を求めることとする。

2. 水際対策上特に対応すべき変異株以外の新型コロナウイルスに対する指定国・地域

上記1. に基づく指定国・地域以外の国・地域のうち、新型コロナウイルスに関する知見、各国・地域における流行状況、日本への流入状況などのリスク評価、ワクチンの有効性等を踏まえ、各国・地域からの流入リスクを総合的に判断し、流入リスクが高いと判断される国・地域からのすべての入国者及び帰国者に対し、本措置に基づく別途の指定に沿って、「水際対策上特に対応すべき変異株以外の新型コロナウイルスに対する指定国・地域」として、当分の間、検疫所長の指定する場所（検疫所が確保する宿泊施設に限る）での3日間の待機を求める。その上で、入国後3日目に改めて検査を行い、陰性と判定された者については、検疫所が確保する宿泊施設を退所し、入国後14日目までの間自宅等待機を求めることとする。

- (注1) 上記に基づく措置は、令和3年9月20日午前0時(日本時間)から行うものとし、同日時までは「水際対策強化に係る新たな措置(15)」(令和3年6月28日)及び「水際対策強化に係る新たな措置(16)」(令和3年7月6日)による水際対策上特に懸念すべき変異株等に対する指定国・地域への指定及び措置を継続する。令和3年9月20日午前0時からの上記に基づく措置の実施に伴い、「水際対策強化に係る新たな措置(15)」(令和3年6月28日)及び「水際対策強化に係る新たな措置(16)」(令和3年7月6日)による水際対策上特に懸念すべき変異株等に対する指定国・地域への指定及び措置はすべて廃止する。
- (注2) 上記における水際対策上特に対応すべき変異株は、ワクチンの効果を減弱させる又はワクチンの効果が不明なもの等の変異株とする。当該変異株の指定及び指定の解除については、外務省及び厚生労働省において確認の都度、別添1の書式で公表することとし、「水際対策強化に係る新たな措置(15)」(令和3年6月28日)の別添1の書式は廃止する。
- (注3) 上記に基づく指定国・地域については、措置の対象となる国・地域の指定、指定内容の変更及び指定の解除について、外務省及び厚生労働省において確認の都度、別添2の書式で公表することとし、「水際対策強化に係る新たな措置(16)」(令和3年7月6日)の別添の書式は廃止する。
- (注4) 上記に基づく措置は、本邦への帰国日又は上陸申請日前14日以内に上記に基づく指定国・地域における滞在歴のある者を対象とする。
- (注5) 上記に基づいて、令和3年9月18日以降に指定された国・地域については、検疫所長の指定する場所での待機は指定日の3日後の日の午前0時から実施し、在留資格保持者の再入国の原則拒否は指定日の2日後の日の午前0時から実施する。また、今後、上記に基づく指定内容の変更及び指定の解除について、検疫所の指定する場所での待機に係る指定内容の変更及び指定の解除は公表日の3日後の日の午前0時から実施し、在留資格保持者の再入国の原則拒否に係る指定内容の変更及び指定の解除は公表日の2日後の日の午前0時から実施する。
- (注6) 上記に基づく在留資格保持者の再入国の原則拒否について、指定日の翌日までに再入国許可をもって出国した「永住者」、「日本人の配偶者等」、「永住者の配偶者等」又は「定住者」の在留資格を有する者が、当該措置対象国・地域から再入国する場合は、原則として、特段の事情があるものとし、また、指定日の2日後以降に出国した者については、この限りではない。なお、「特別永住者」については、この再入国拒否対象とはならない。

(以上)

令和3年9月17日

水際対策強化に係る新たな措置（17）に基づく
水際対策上特に対応すべき変異株の指定について

厚生労働省
健康局
結核感染症課
健康課
医薬・生活衛生局
検疫所業務課
外務省領事局政策課

「水際対策強化に係る新たな措置（17）」（令和3年9月17日）（以下「措置（17）」という。）に基づき、外務省及び厚生労働省において確認の都度、指定し公表するとされている水際対策上特に対応すべき変異株は以下のとおりです。

措置（17）に基づく、水際対策上特に対応すべき変異株

変異株名	指定日	指定解除日
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） B. 1. 525 系統の変異株（イータ株） B. 1. 526 系統の変異株（イオタ株） B. 1. 617. 1 系統の変異株（カッパ株） C. 37 系統の変異株（ラムダ株） B. 1. 621 系統の変異株（ミュー株）	令和3年9月17日	

（以上）

令和3年9月17日

水際対策強化に係る新たな措置（17）に基づく
指定国・地域について

厚生労働省
健康局
結核感染症課
健康課
医薬・生活衛生局
検疫所業務課
外務省領事局政策課

「水際対策強化に係る新たな措置（17）」（令和3年9月17日）（以下「措置（17）」という。）に基づき、外務省及び厚生労働省において確認の都度、指定し公表するとされている、「水際対策上特に対応すべき変異株等に対する指定国・地域」は以下のとおりです。

1. 宿泊施設にて10日間の待機対象となる「水際対策上特に対応すべき変異株」に対する指定国・地域（再入国原則拒否の対象）（措置（17）の1.（1）の全文に基づく措置の対象国・地域）

国・地域	指定日	宿泊施設での待機措置の実施開始日時（日本時間）	再入国原則拒否措置の実施開始日時（日本時間）

2. 宿泊施設にて10日間の待機対象となる「水際対策上特に対応すべき変異株」に対する指定国・地域（措置（17）の1.（1）の前段に基づく措置の対象国・地域）

国・地域	指定日	宿泊施設での待機措置の実施開始日時（日本時間）

3. 宿泊施設にて6日間の待機対象となる「水際対策上特に対応すべき変異株」に対する指定国・地域（再入国原則拒否の対象）（措置（17）の1.（2）の全文に基づく措置の対象国・地域）

国・地域	指定日	宿泊施設での待機措置の実施開始日時（日本時間）	再入国原則拒否措置の実施開始日時（日本時間）

4. 宿泊施設にて6日間の待機対象となる「水際対策上特に対応すべき変異株」に対する指定国・地域（措置（17）の1.（2）の前段に基づく措置の対象国・地域）

国・地域	指定日	宿泊施設での待機措置の実施開始日時 （日本時間）

5. 宿泊施設にて3日間の待機対象となる「水際対策上特に対応すべき変異株」に対する指定国・地域（措置（17）の1.（3）に基づく措置の対象国・地域）

国・地域	指定日	宿泊施設での待機措置の実施開始日時 （日本時間）
<u>アフガニスタン</u> 、 <u>アラブ首長国連邦</u> 、 <u>アルゼンチン</u> 、 <u>インド</u> 、 <u>インドネシア</u> 、 <u>ウルグアイ</u> 、 <u>英国</u> 、 <u>エクアドル</u> 、 <u>カザフスタン</u> 、 <u>キューバ</u> 、 <u>ギリシャ</u> 、 <u>キルギス</u> 、 <u>コスタリカ</u> 、 <u>コロンビア</u> 、 <u>ザンビア</u> 、 <u>ジョージア</u> 、 <u>スペイン</u> 、 <u>スリナム</u> 、 <u>スリランカ</u> 、 <u>セーシェル</u> 、 <u>タンザニア</u> 、 <u>チリ</u> 、 <u>デンマーク</u> 、 <u>ドミニカ共和国</u> 、 <u>トリニダード・トバゴ</u> 、 <u>トルコ</u> 、 <u>ネパール</u> 、 <u>パキスタン</u> 、 <u>パラグアイ</u> 、 <u>バングラデシュ</u> 、 <u>フィリピン</u> 、 <u>ブラジル</u> 、 <u>ベネズエラ</u> 、 <u>ペルー</u> 、 <u>ベルギー</u> 、 <u>ボリビア</u> 、 <u>ポルトガル</u> 、 <u>マレーシア</u> 、 <u>南アフリカ共和国</u> 、 <u>ミャンマー</u> 、 <u>モザンビーク</u> 、 <u>モルディブ</u> 、 <u>リビア</u> 、 <u>ロシア</u> （モスクワ市）	令和3年9月17日	令和3年9月20日午前0時

6. 宿泊施設にて3日間の待機対象となる「水際対策上特に対応すべき変異株」以外の新型コロナウイルスに対する指定国・地域（措置（17）の2.に基づく措置の対象国・地域）

国・地域	指定日	宿泊施設での待機措置の実施開始日時 （日本時間）
<u>ウズベキスタン</u> 、 <u>ロシア</u> （ <u>ハバロフスク地方</u> ）	令和3年9月17日	令和3年9月20日午前0時

（以上）