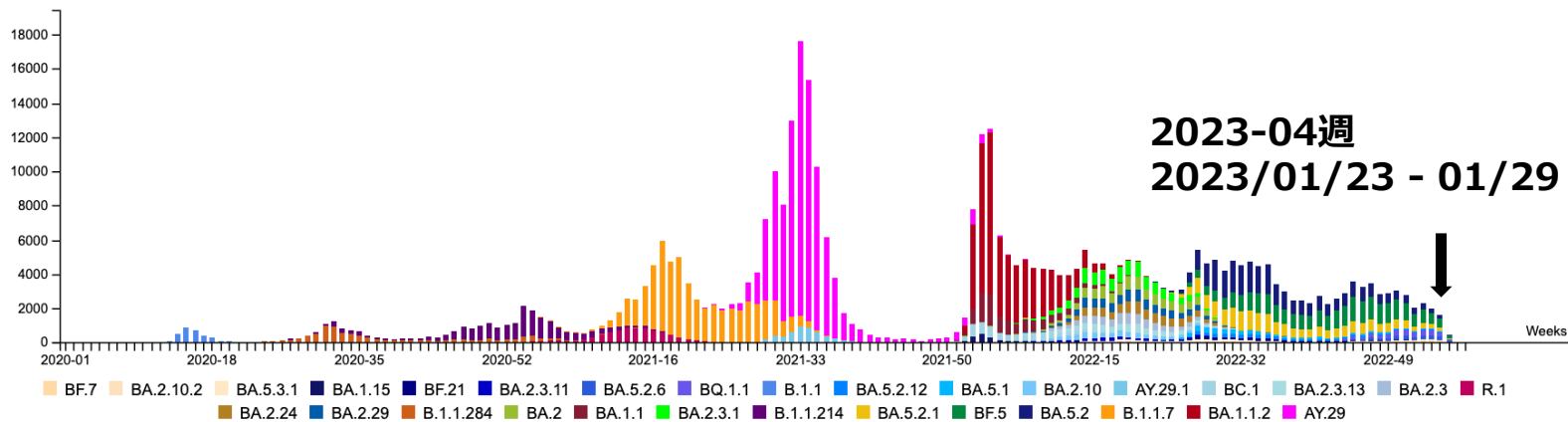


# 新型コロナウイルス ゲノムサーベイランスによる系統別検出状況（国立感染症研究所）

## 国内 新型コロナゲノムの PANGO lineage 変遷（2023/02/10 現在）

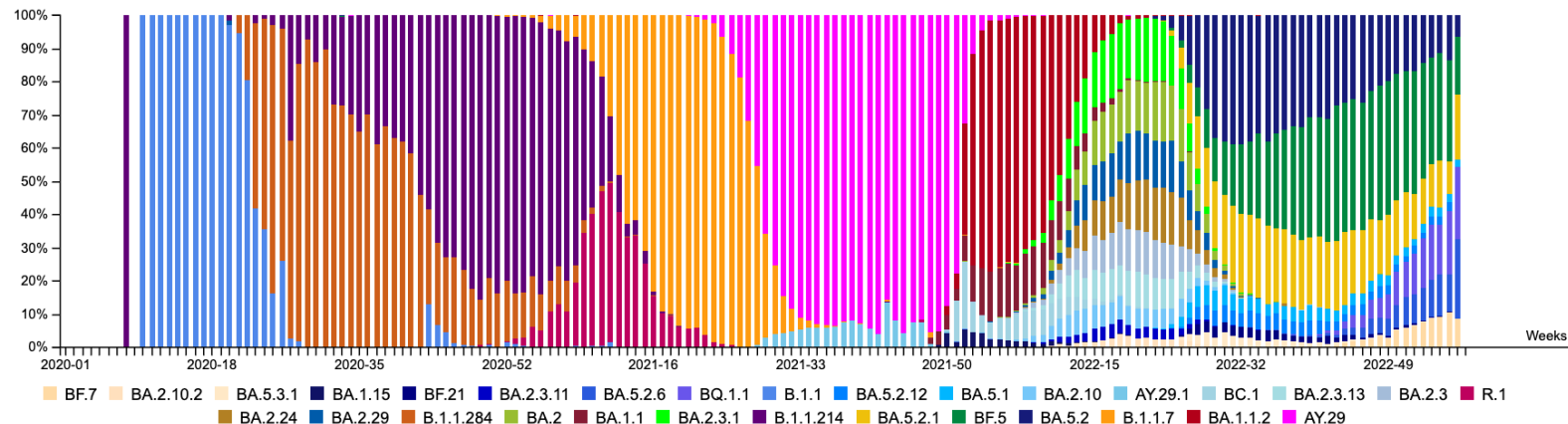
[Only Domestic] Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

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



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

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

Lineage	2023-04(w)				
BA.2.3.20	5	BA.5.2.44	1	BQ.1.1.18	33
BA.2.75.2	1	BA.5.2.47	3	BQ.1.1.3	2
BA.2.75.4	2	BA.5.2.48	2	BQ.1.1.31	5
BN.1	6	BA.5.2.6	52	BQ.1.1.4	6
BN.1.1	10	BA.5.2.7	5	BQ.1.1.7	3
BN.1.1.1	2	BA.5.5	1	BQ.1.10	2
BN.1.2	51	BA.5.5.1	2	BQ.1.13	2
BN.1.3	35	BE.1.1	3	BQ.1.14	1
BN.1.3.1	1	BE.4.1	2	BQ.1.18	1
BN.1.3.2	13	BE.7	1	BQ.1.2	6
BN.1.3.4	3	BF.10	1	BQ.1.25	7
BN.1.4	2	BF.11	18	BQ.1.28	1
BN.1.5	2	BF.11.1	3	BQ.1.5	3
BN.1.9	8	BF.11.5	3	CK.1.1	6
BR.2	1	BF.13	3	CP.1	1
BR.2.1	1	BF.14	5	CQ.2	10
CH.1.1	21	BF.2	1	CR.1	3
CM.5	1	BF.21	1	CR.1.1	1
CM.8.1	3	BF.22	1	XAA	1
BA.5	3	BF.5	143	XAG	1
BA.5.1	12	BF.5.1	20	XAN	1
BA.5.1.27	1	BF.7	49	XB	1
BA.5.1.5	5	BF.7.1	1	XBB.1	1
BA.5.1.11	1	BF.7.14	2	XBB.1.5	2
BA.5.2	63	BF.7.15	45	XBB.1.9.1	1
BA.5.2.1	45	BF.7.4	3	XBB.2	1
BA.5.2.12	13	BF.7.4.1	28	XBC.1	1
BA.5.2.20	2	BF.7.6	9	XBE	1
BA.5.2.26	3	BF.7.7	1	XBH	1
BA.5.2.27	3	BQ.1	12	XBJ	1
BA.5.2.28	1	BQ.1.1	89	XBK	1
BA.5.2.43	11	BQ.1.1.11	1	Unassigned	7
		BQ.1.1.15	2		

4週の時点でBA.1 0%、BA.2 17.5%、BA.4 0%、BA.5 80.3%、デルタ株 0%、それ以外 2.2%であった。  
※それぞれの下位系統を含む

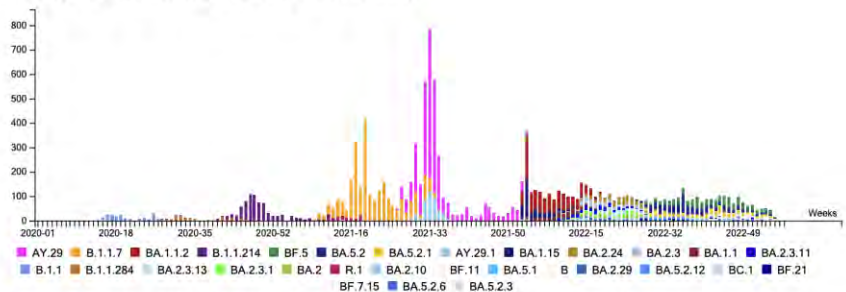
※その他の株は  
検出されていない。

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

※今後、解析判定データの追加登録が行われ、数値の変動があることに留意

# 北海道

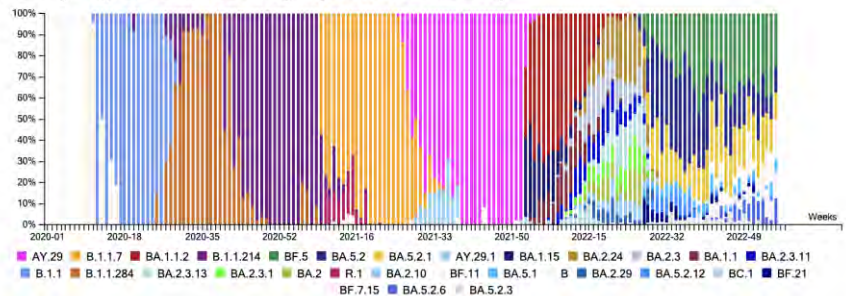
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

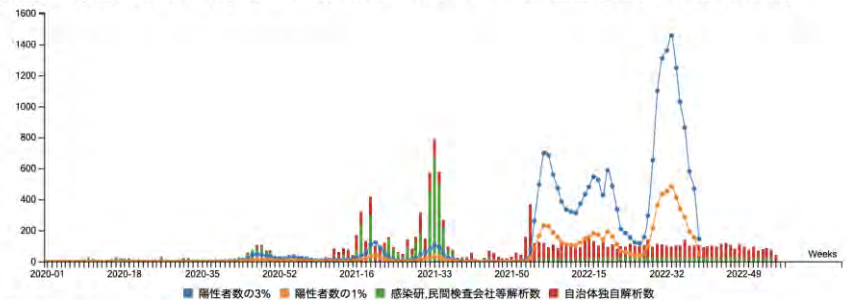
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Hokkaido] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



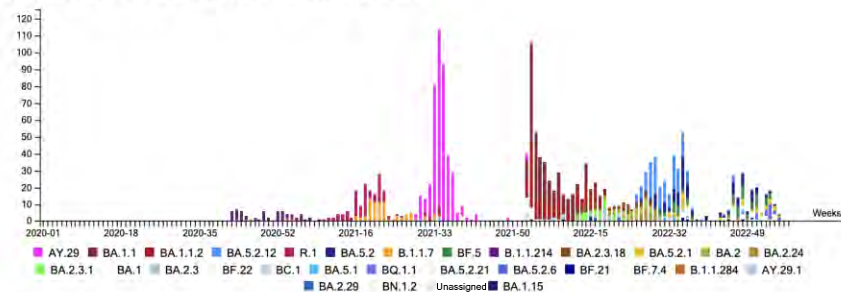
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 青森県

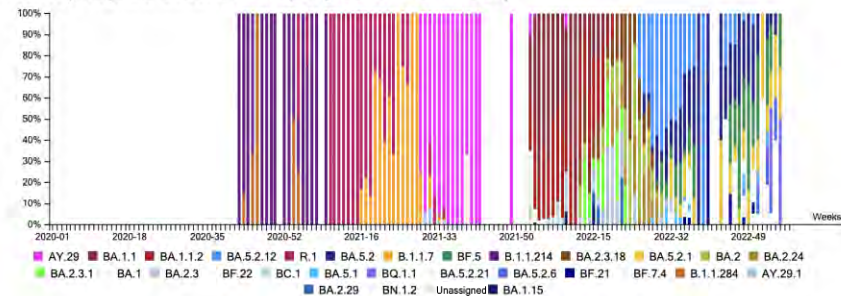
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

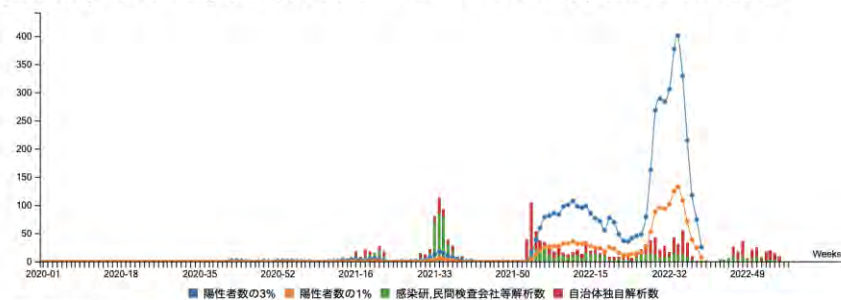
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Aomori] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



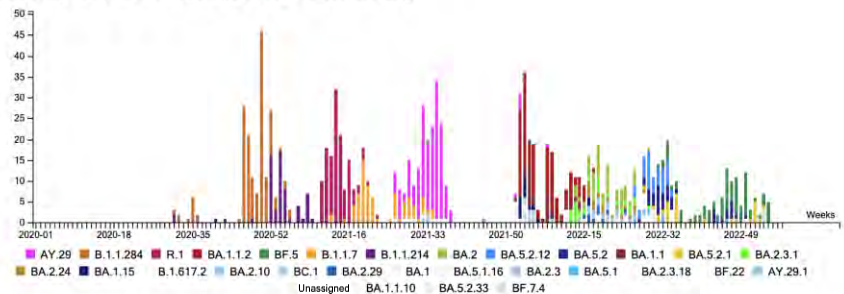
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

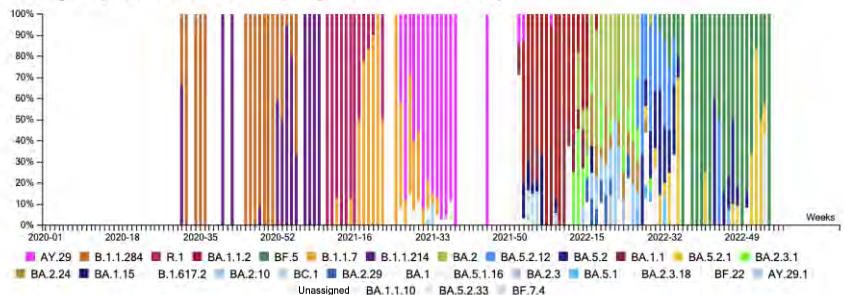
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

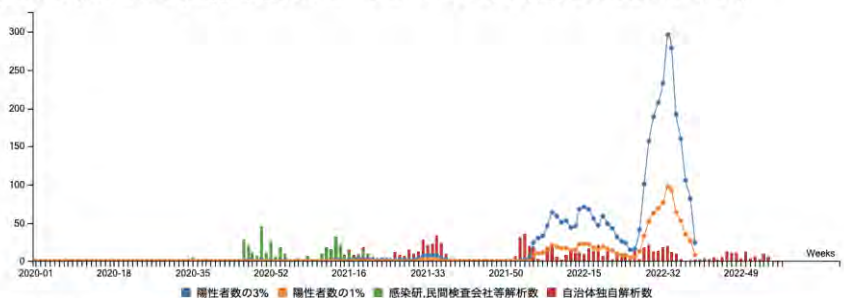
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Iwate] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



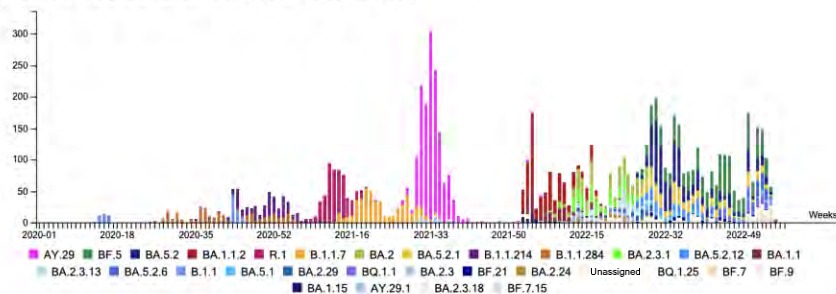
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 宮城県

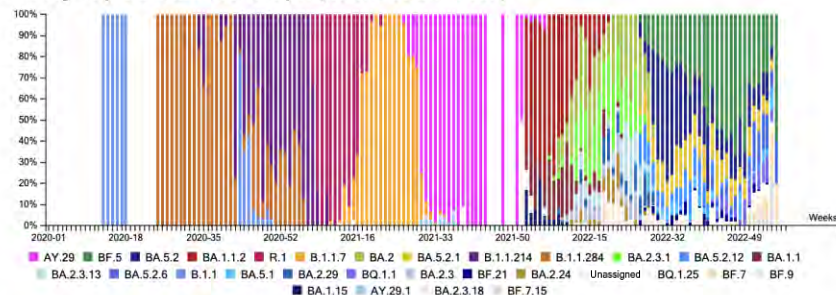
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

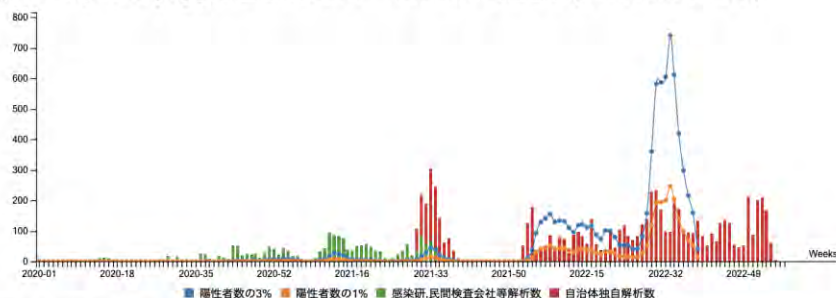
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Miyagi] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



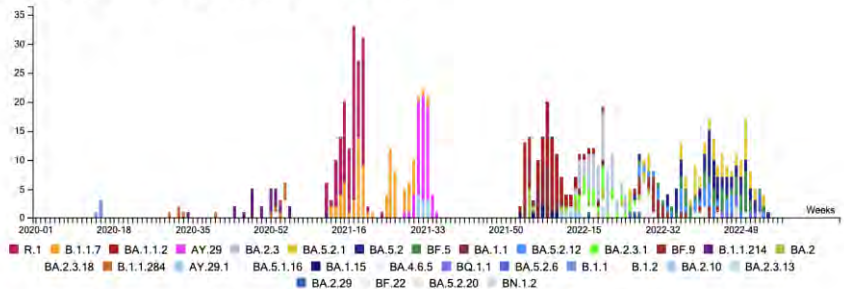
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

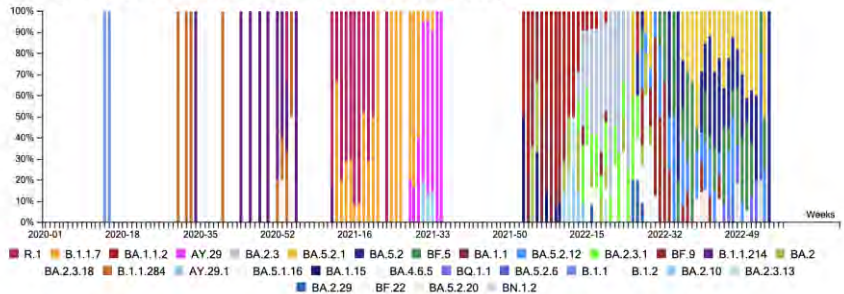
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

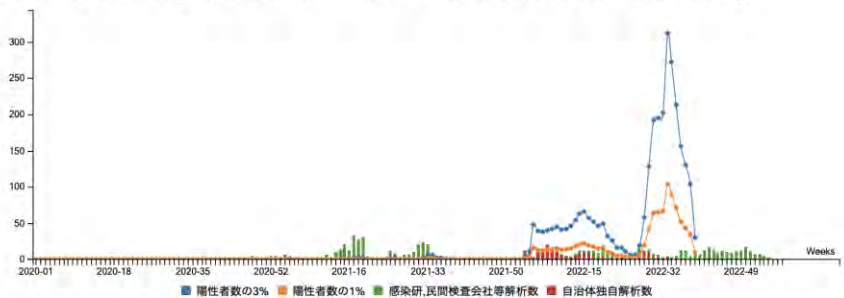
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Akita] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



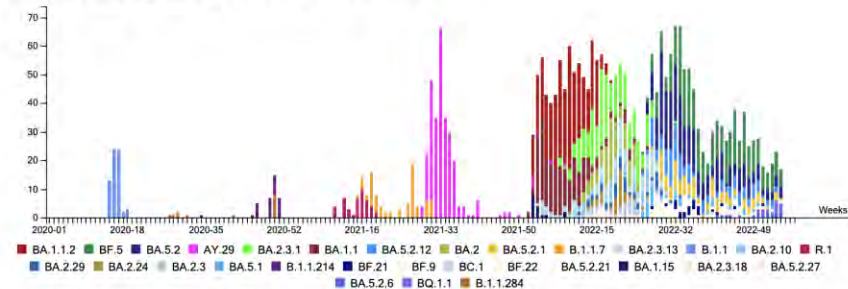
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 山形県

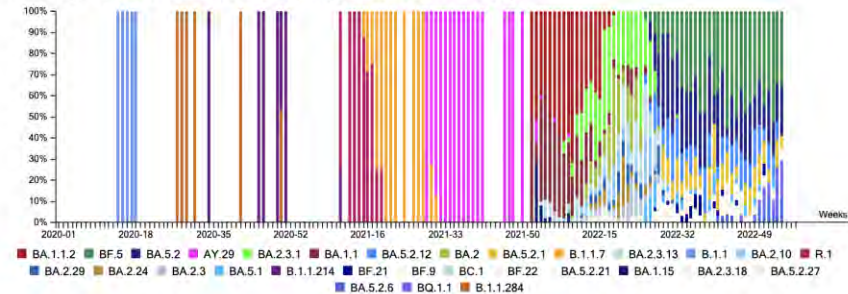
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

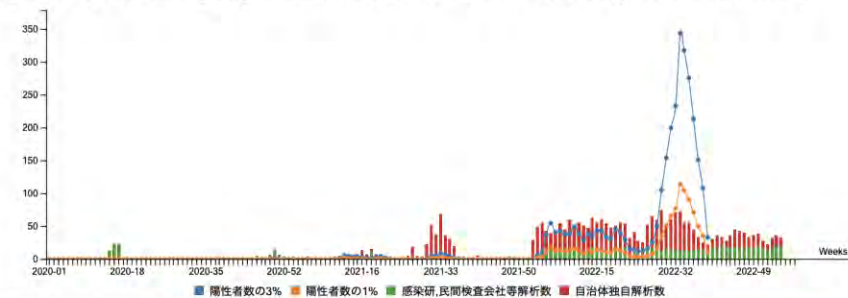
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Yamagata] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



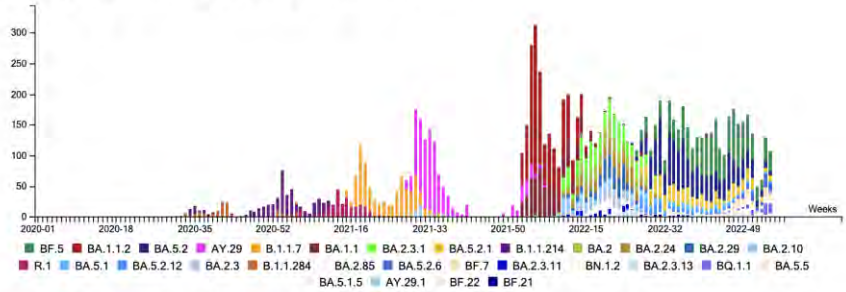
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

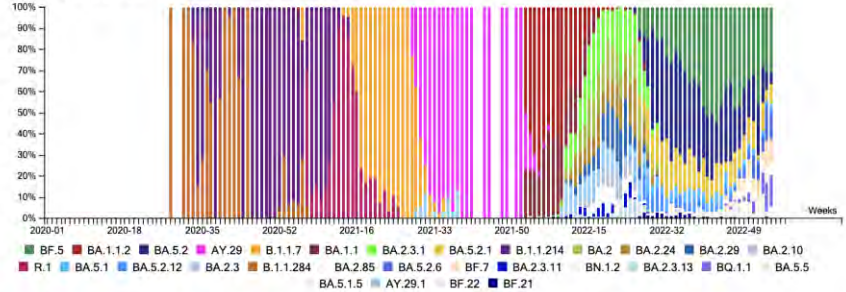
# 福島県

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



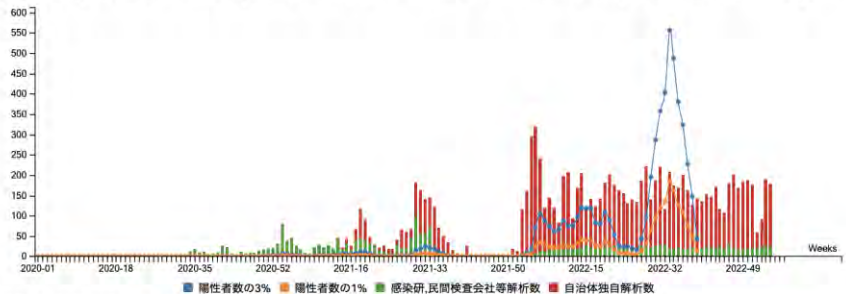
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

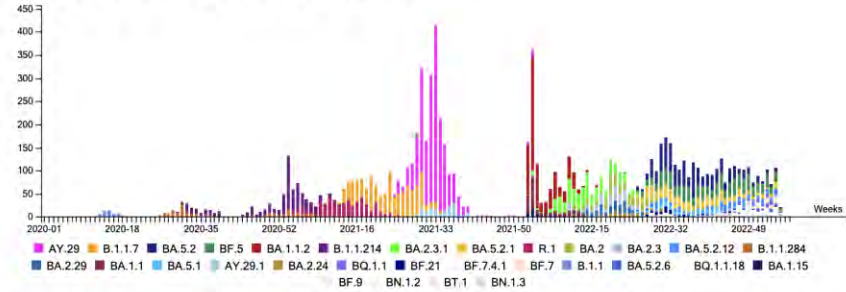
### [Asia/Japan/Fukushima] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

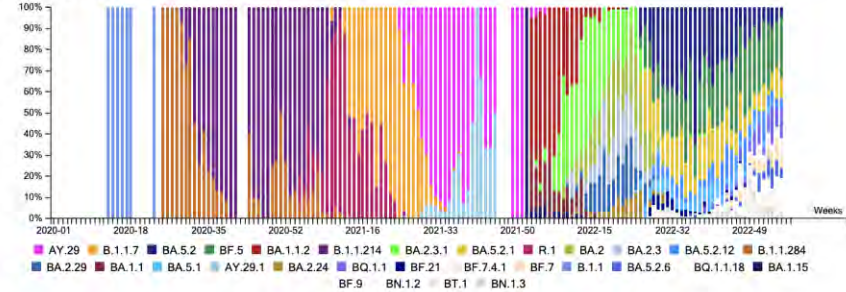
# 茨城県

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



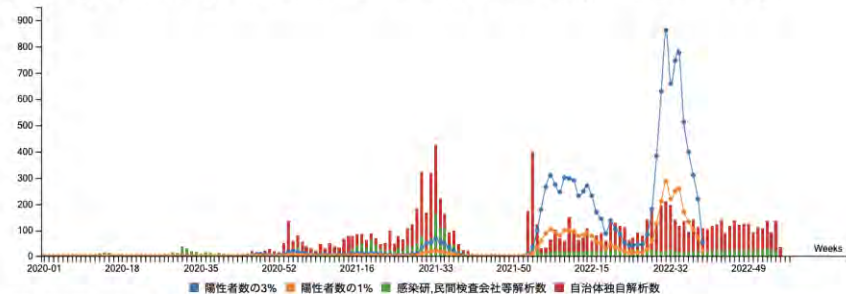
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

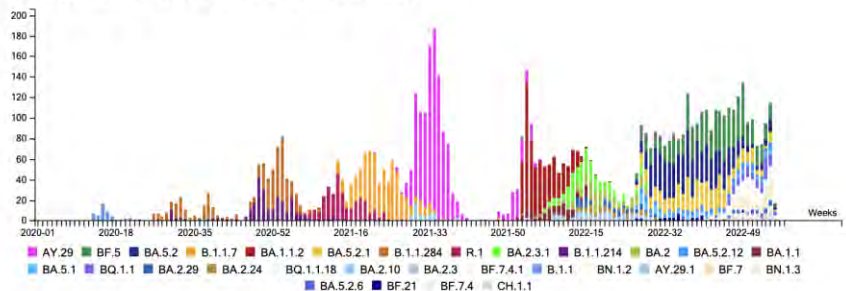
### [Asia/Japan/Ibaraki] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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

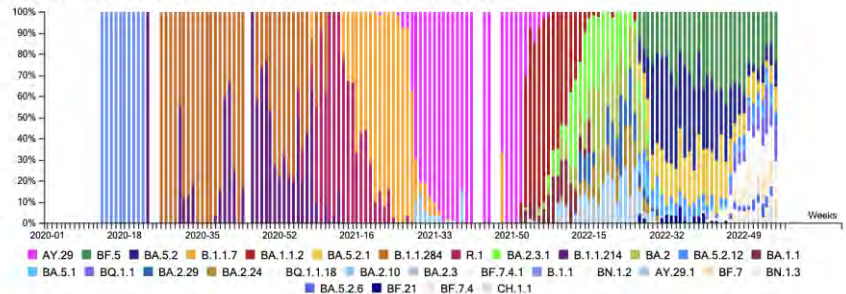
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

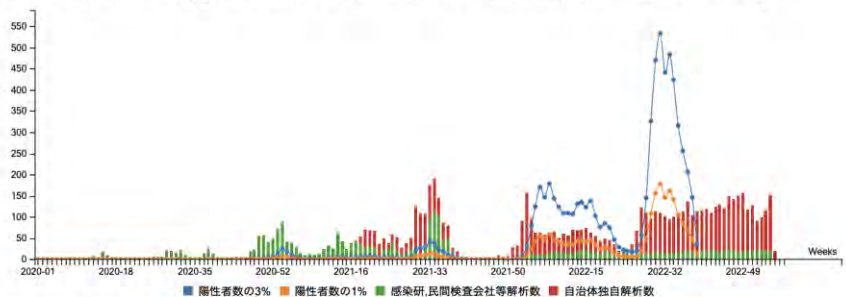
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Tochigi] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)

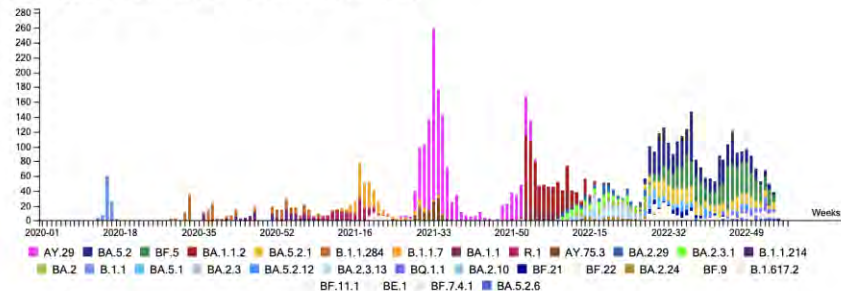


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

# 群馬県

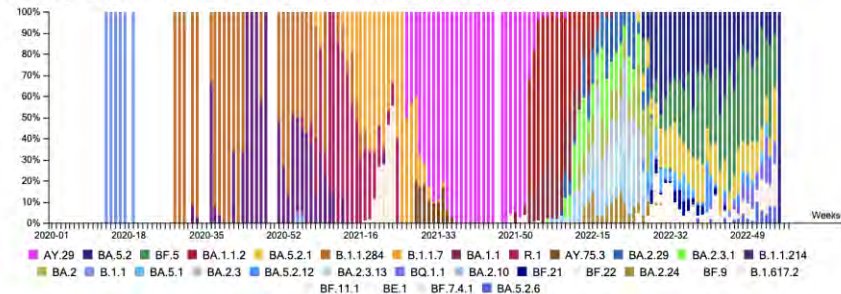
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

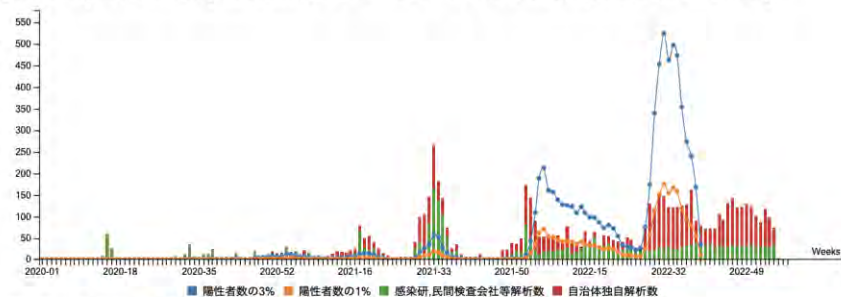
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Gunma] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)

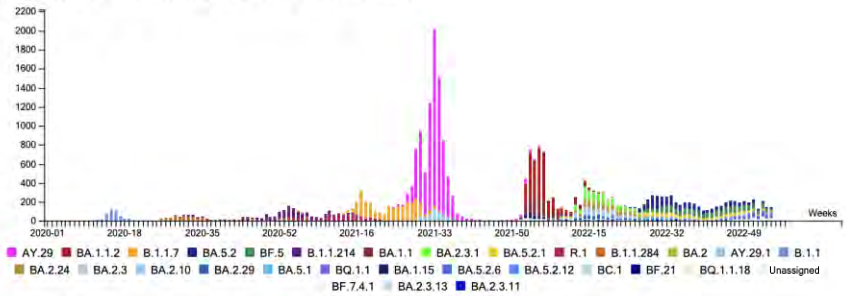


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

# 埼玉県

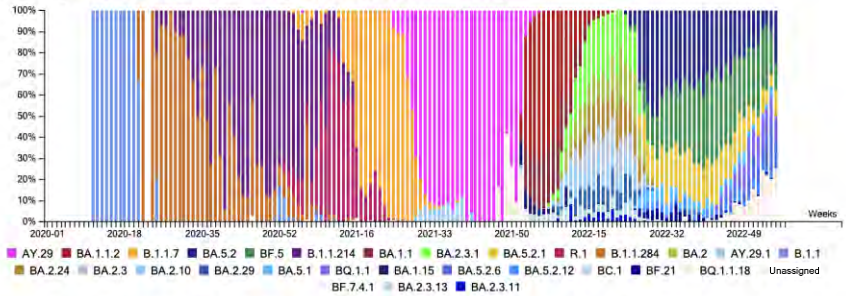
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

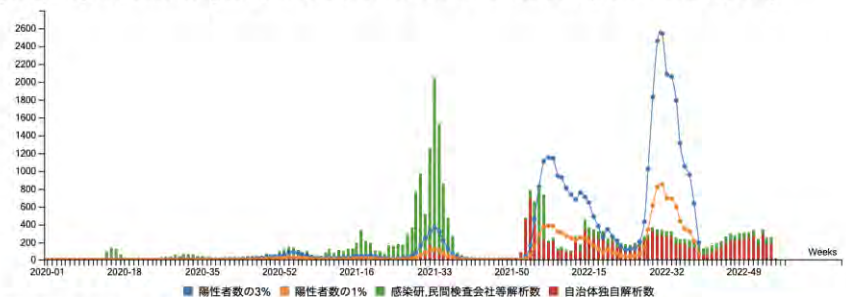
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Saitama] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)

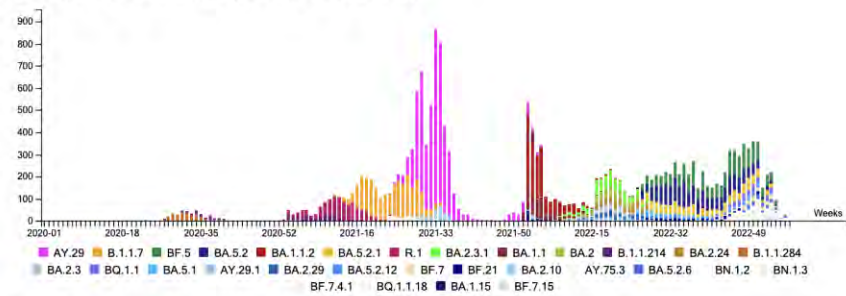


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

# 千葉県

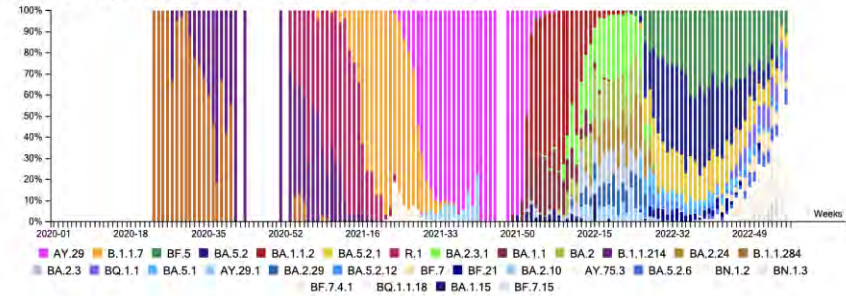
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

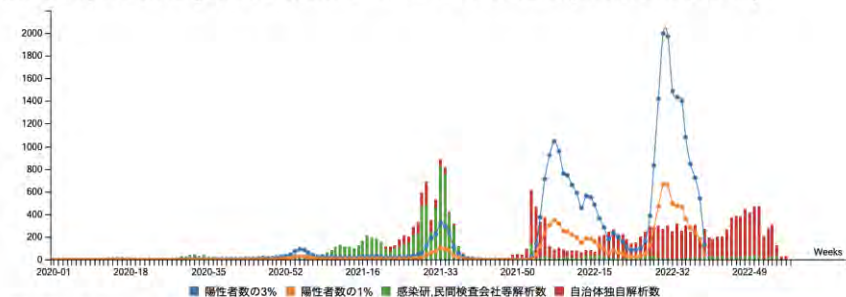
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Chiba] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)

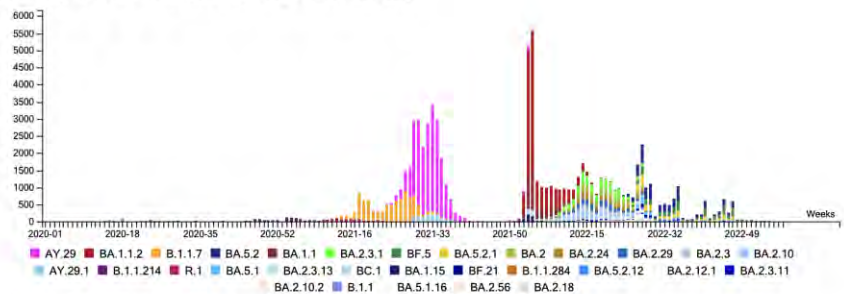


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

# 東京都

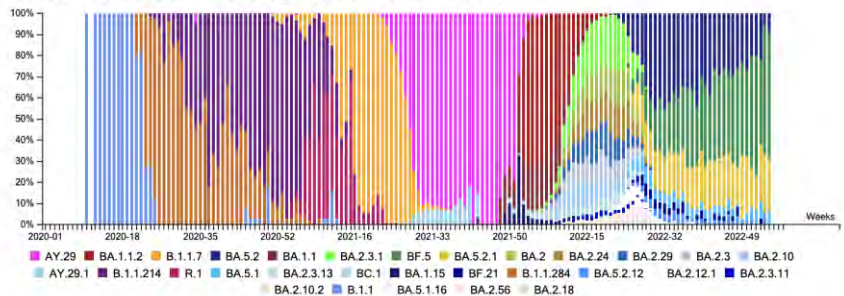
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

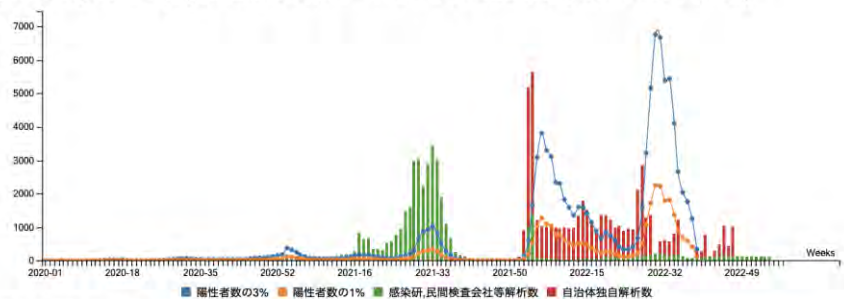
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Tokyo] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



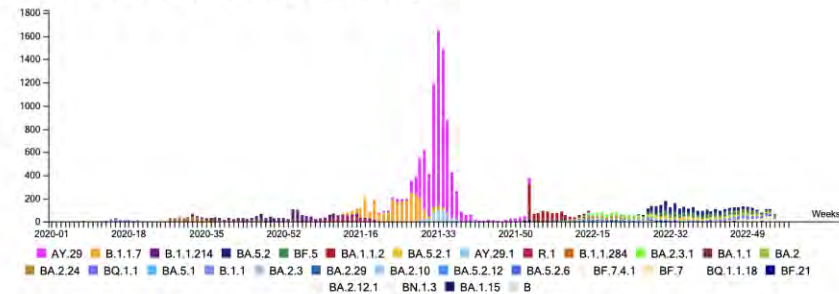
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 神奈川県

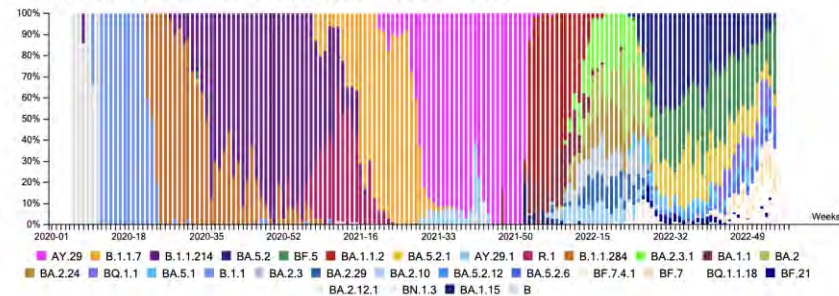
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

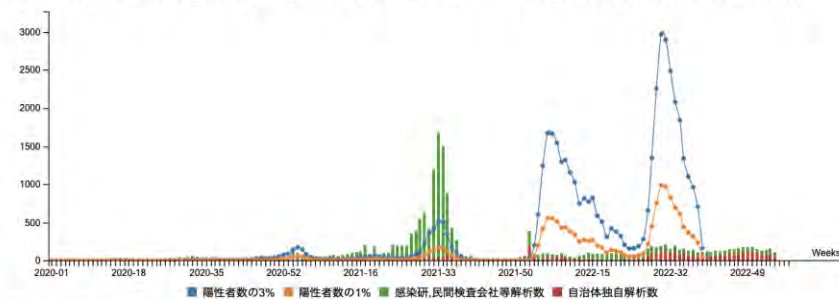
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Kanagawa] 陽性者数の3%・1% / 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/>

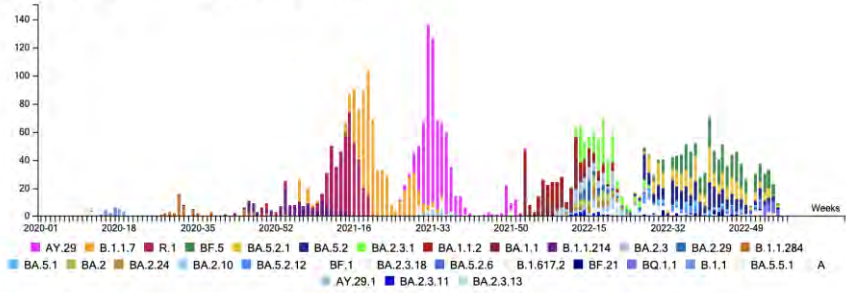
[ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。

(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

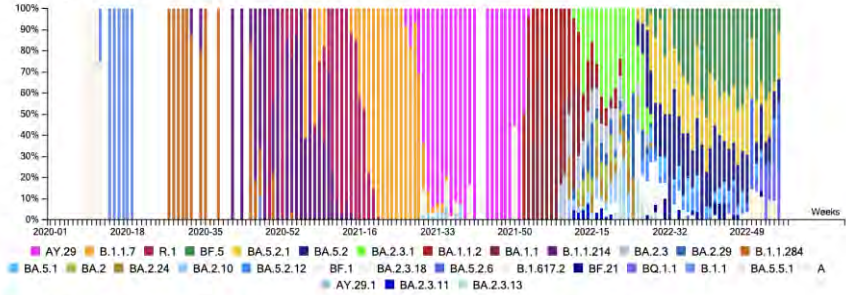
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

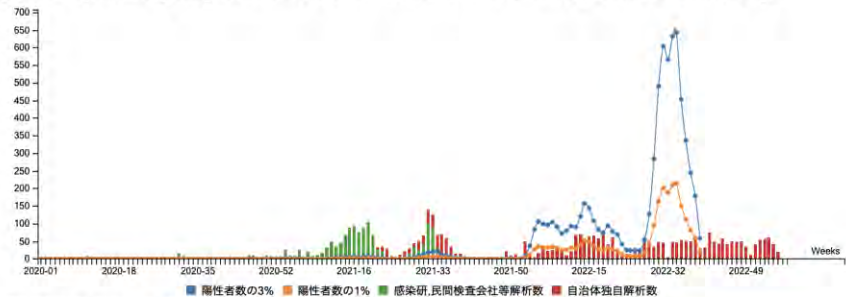
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Niigata] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)

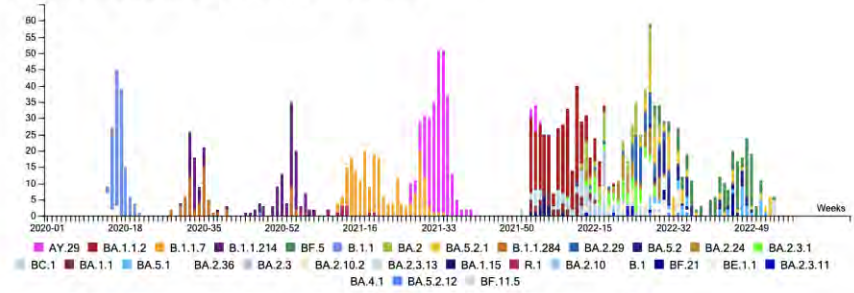


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

# 富山県

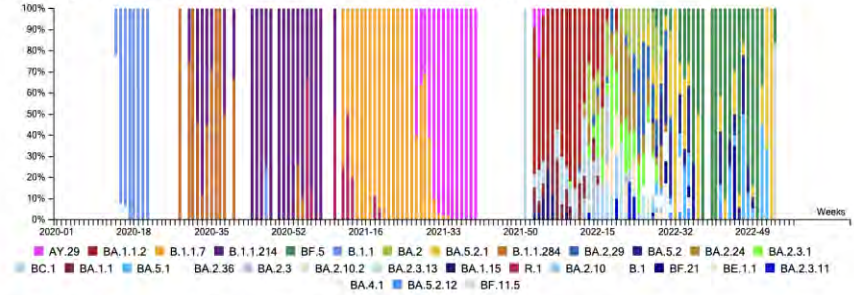
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

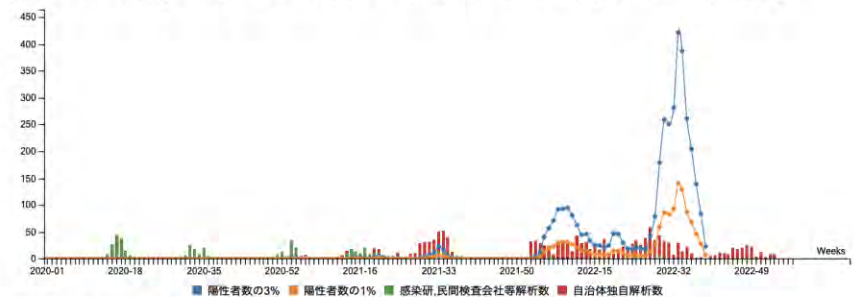
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Toyama] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)

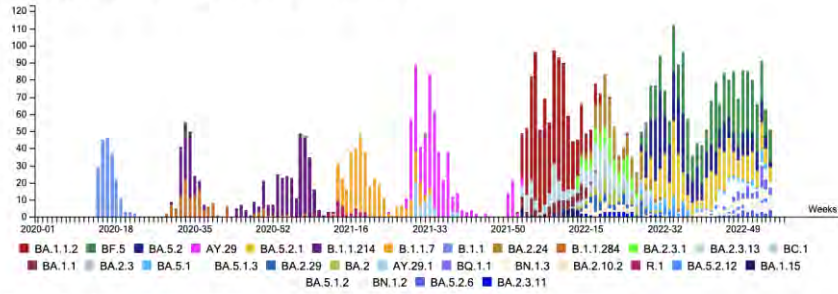


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

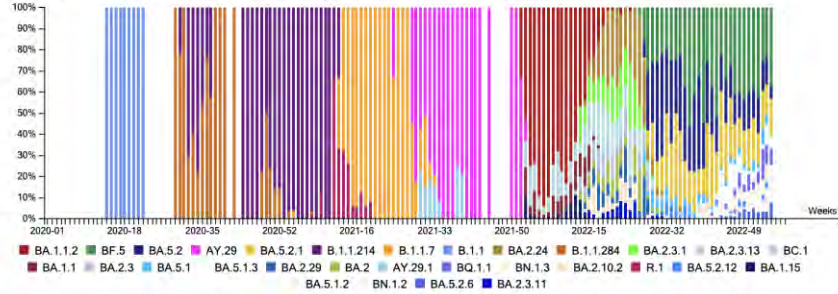
# 石川県

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



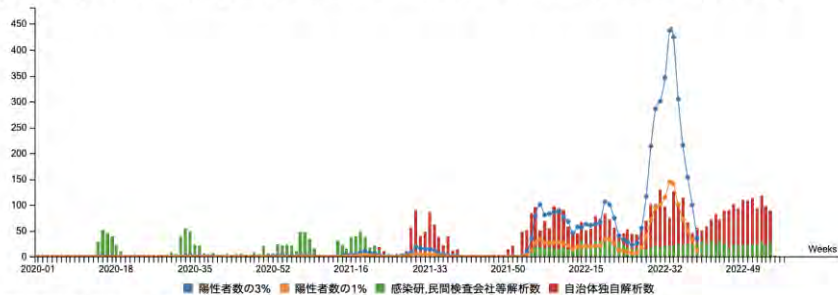
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

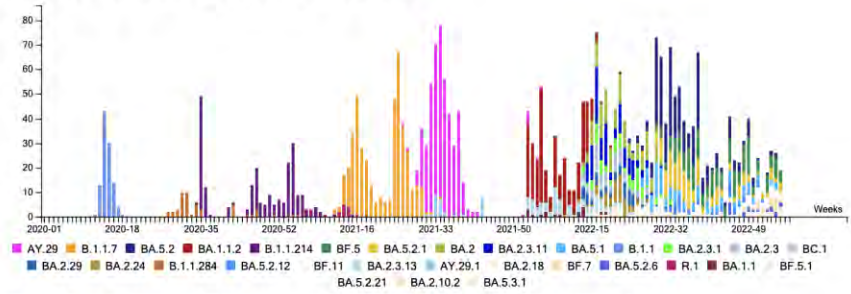
### [Asia/Japan/Ishikawa] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

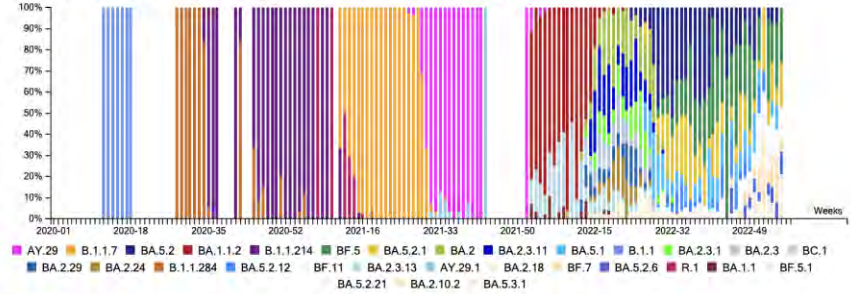
# 福井県

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



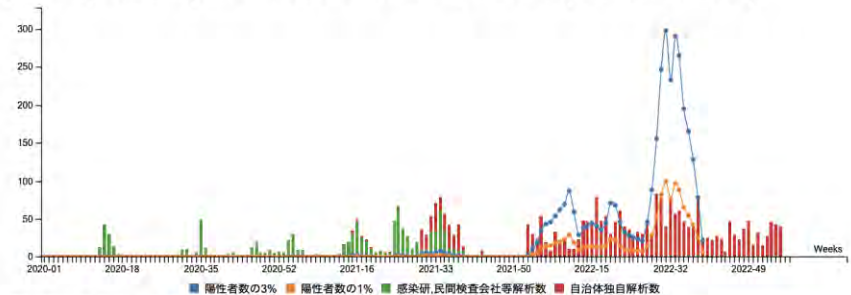
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

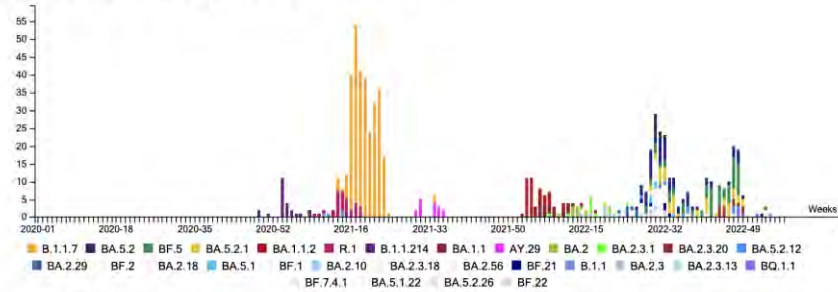
### [Asia/Japan/Fukui] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

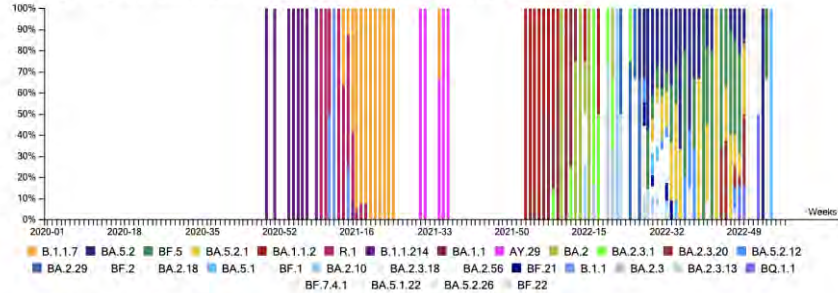
# 山梨県

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



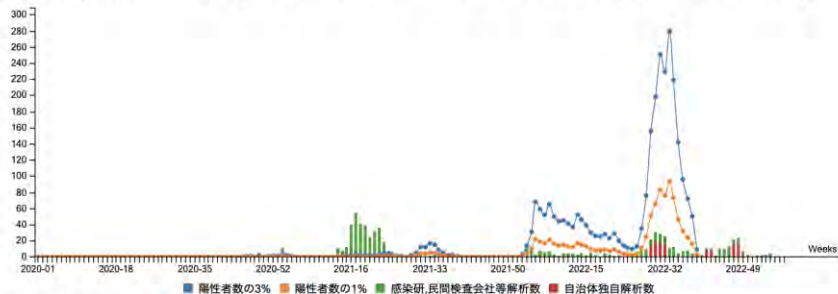
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

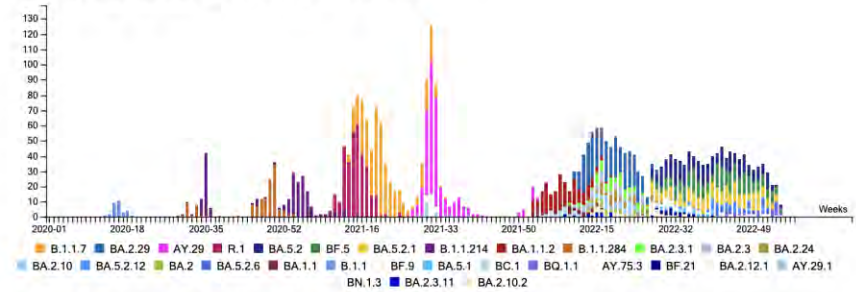
### [Asia/Japan/Yamanashi] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

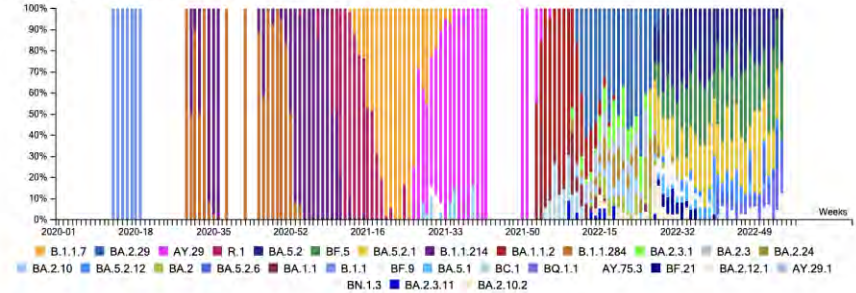
# 長野県

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



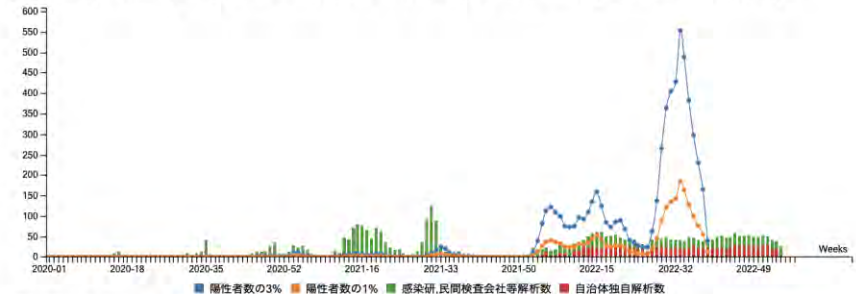
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

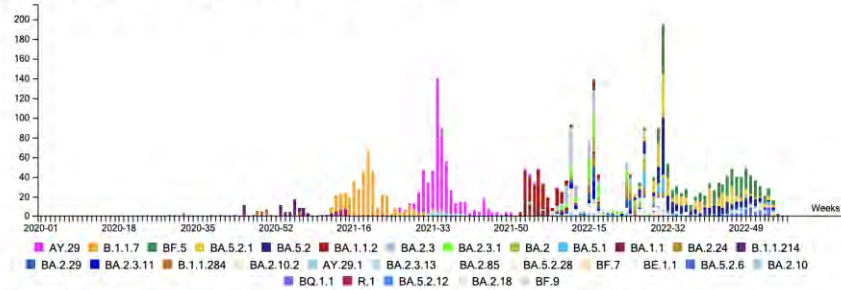
### [Asia/Japan/Nagano] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

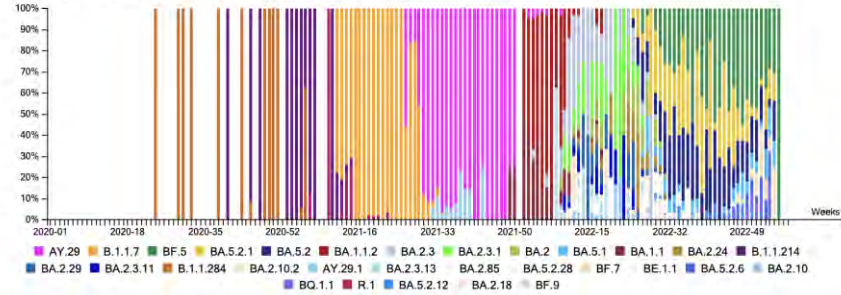
# 岐阜県

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



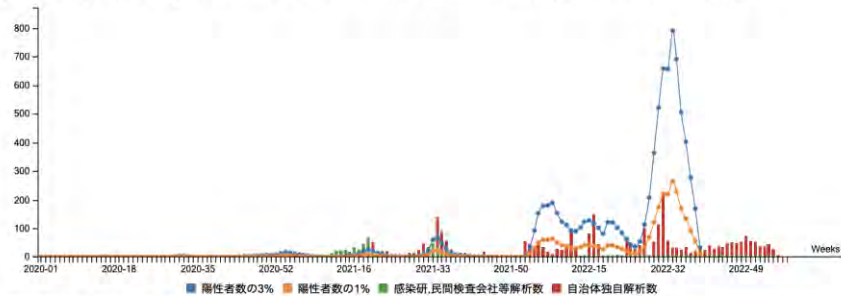
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

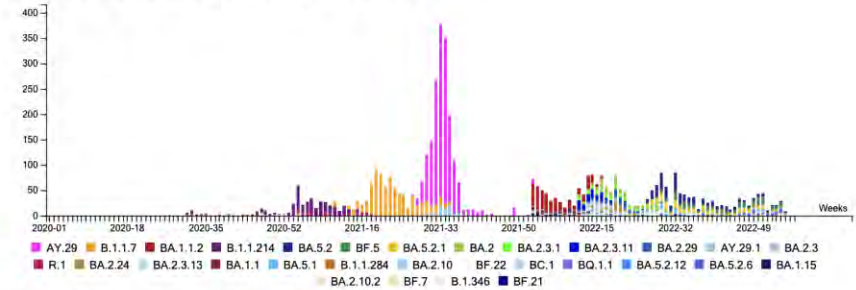
### [Asia/Japan/Gifu] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

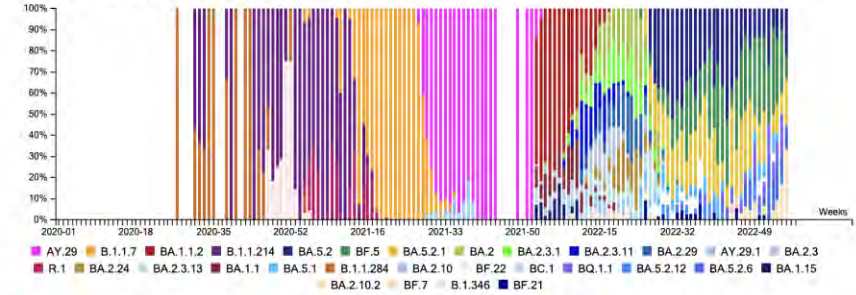
# 静岡県

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



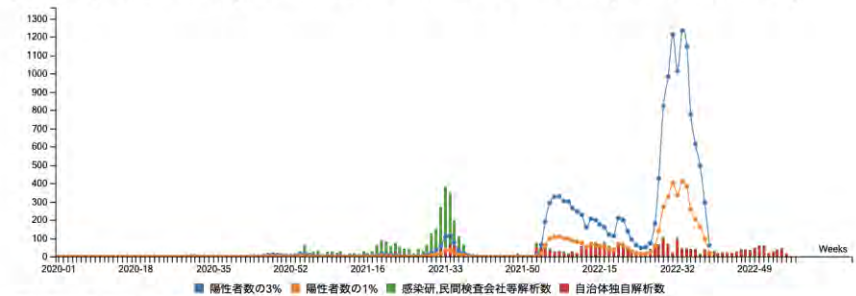
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

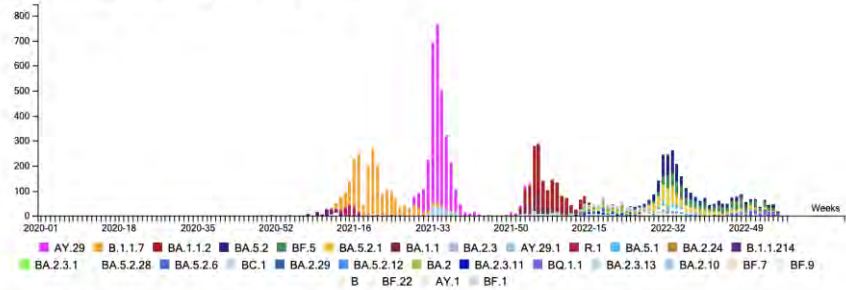
### [Asia/Japan/Shizuoka] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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

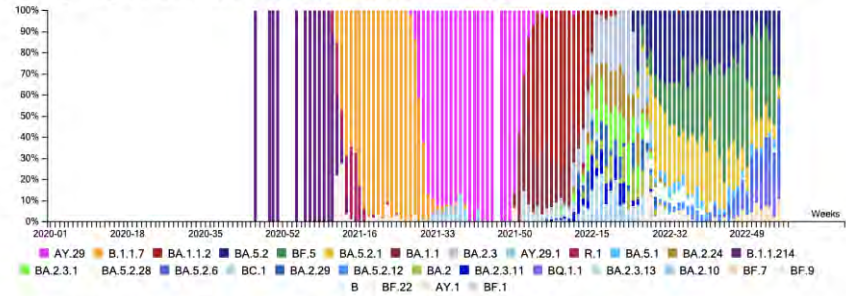
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

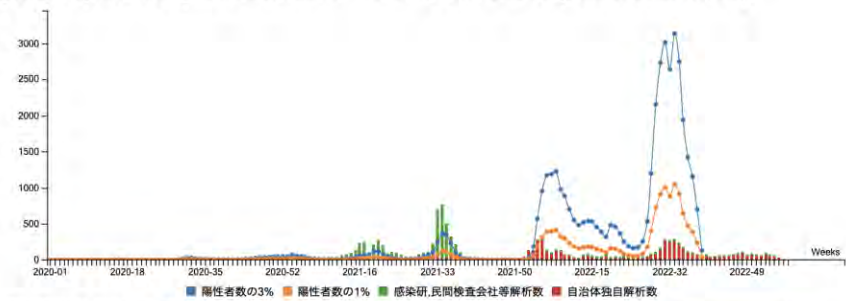
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Aichi] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)

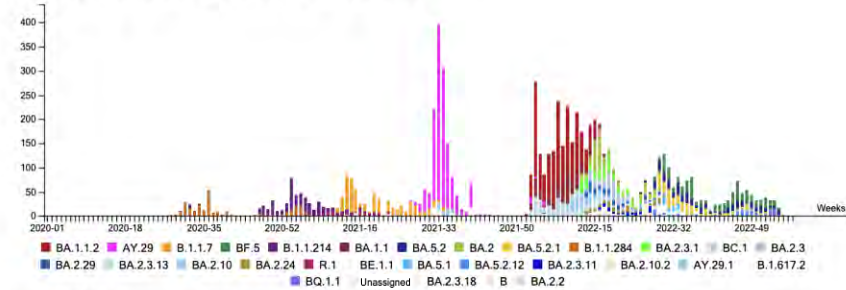


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

# 三重県

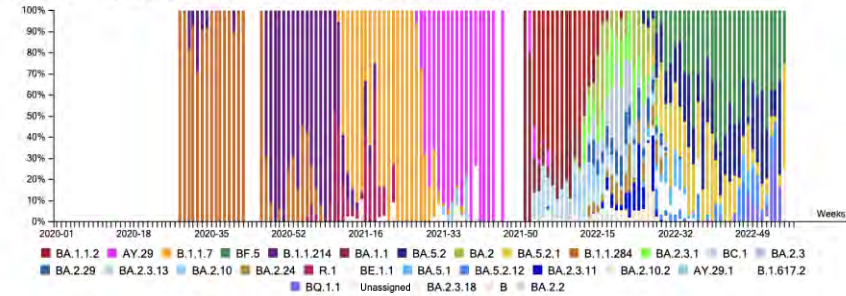
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

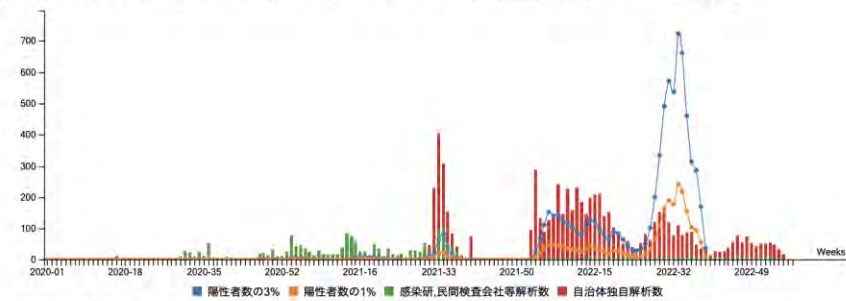
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Mie] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)

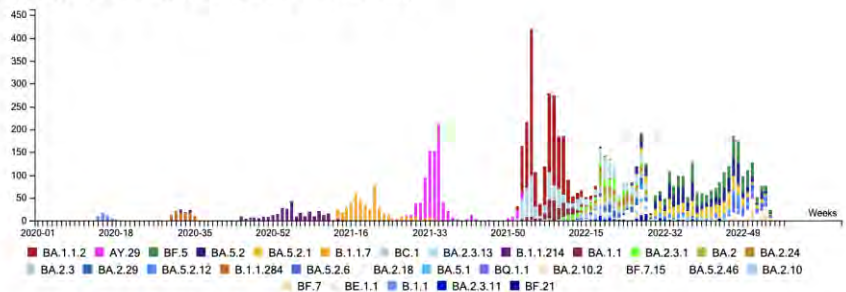


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

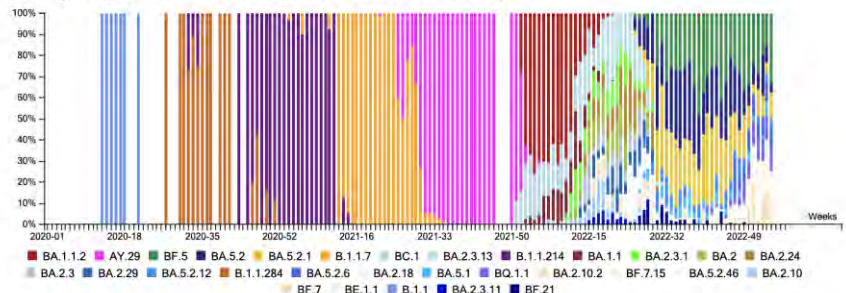
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

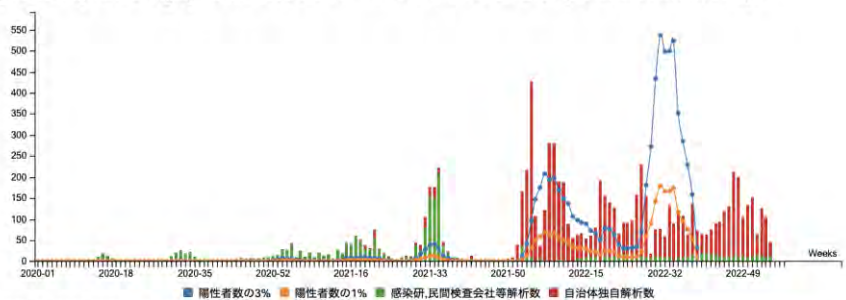
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Shiga] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



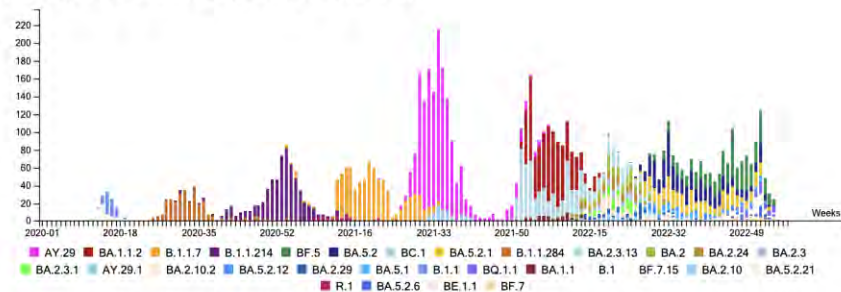
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 京都府

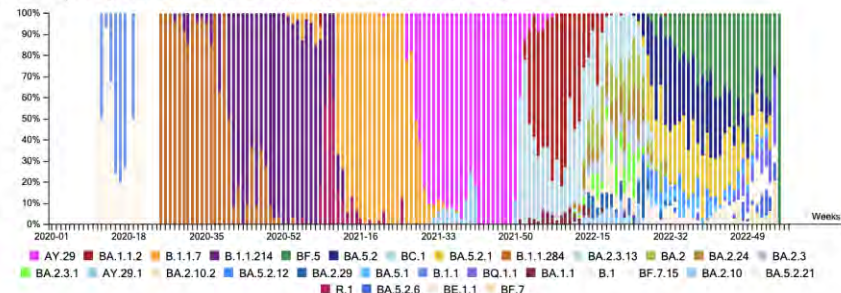
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

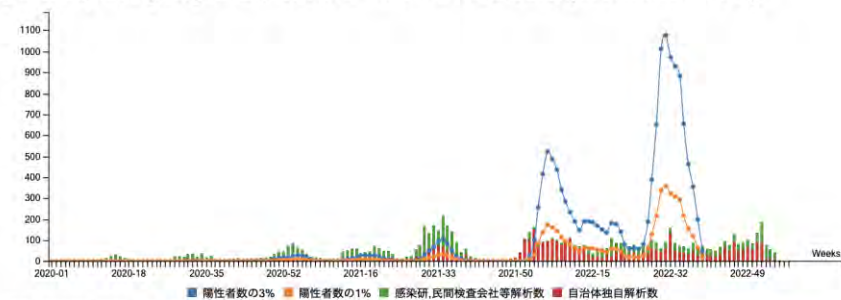
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Kyoto] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



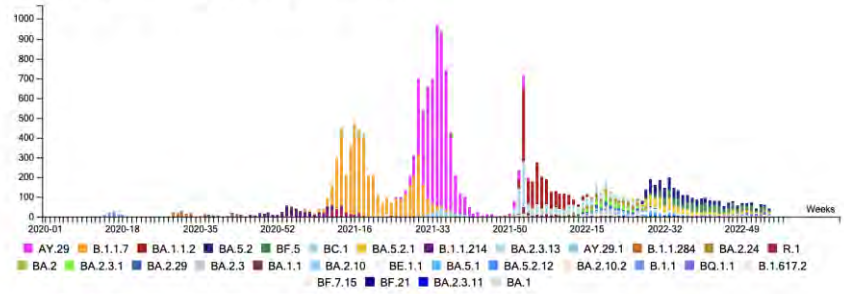
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

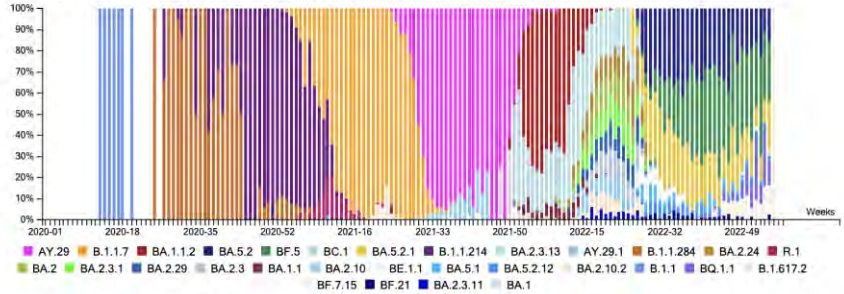
# 大阪府

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



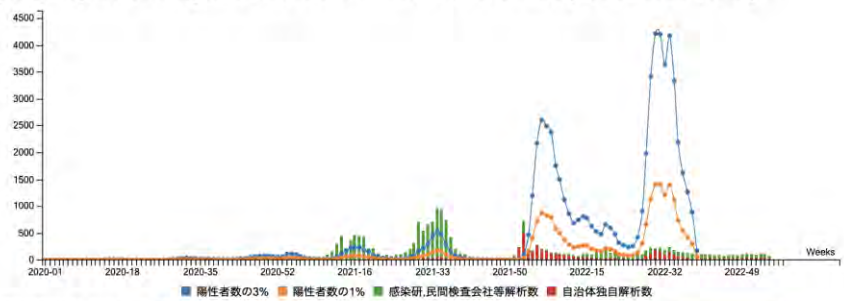
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

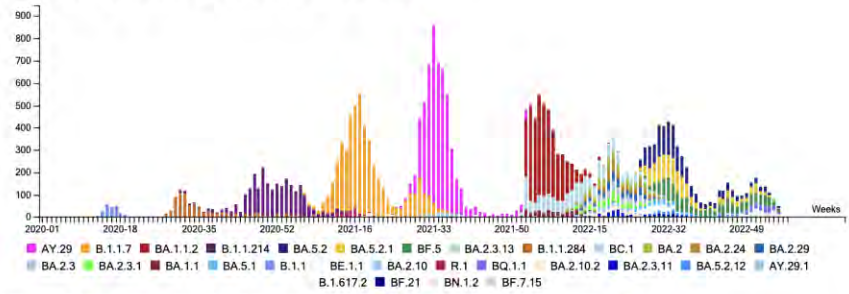
### [Asia/Japan/Osaka] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

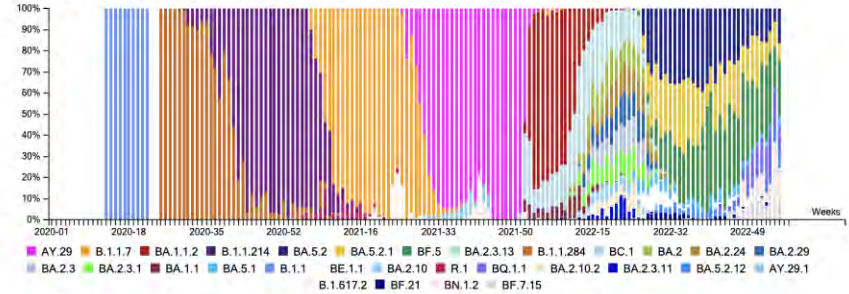
# 兵庫県

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



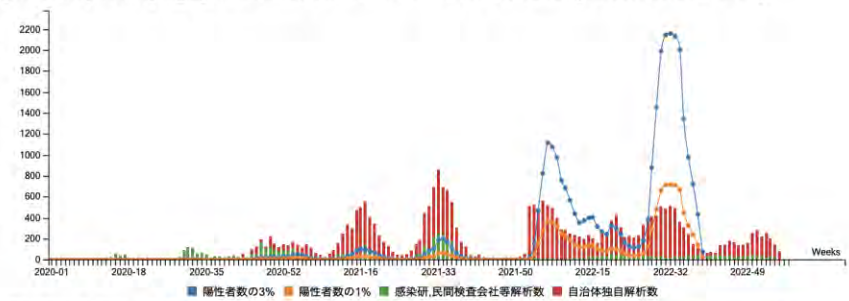
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

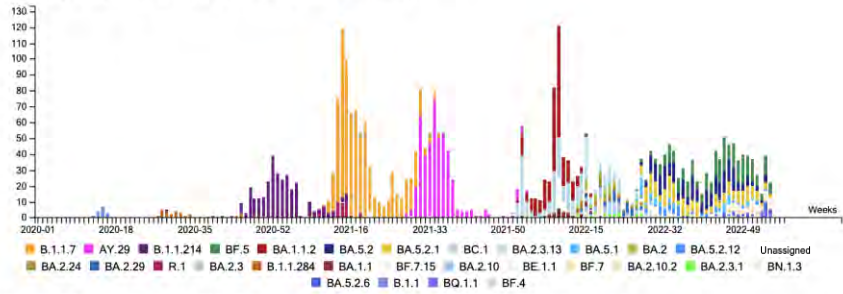
### [Asia/Japan/Hyogo] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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

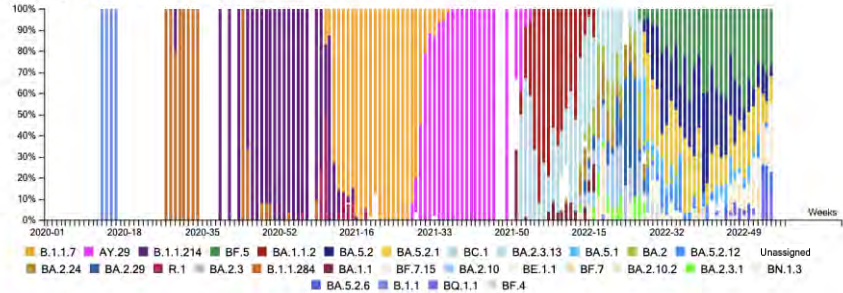
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

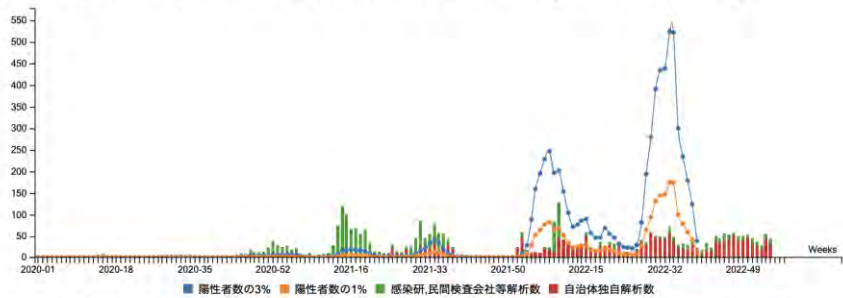
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

[Asia/Japan/Nara] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)

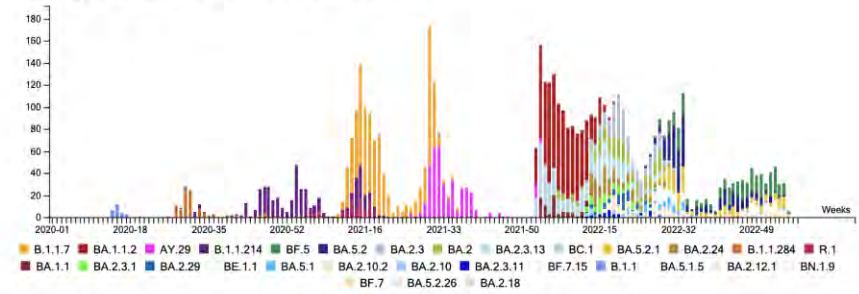


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

# 和歌山県

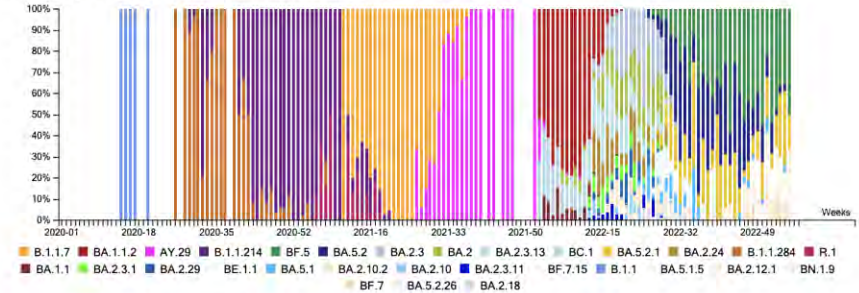
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

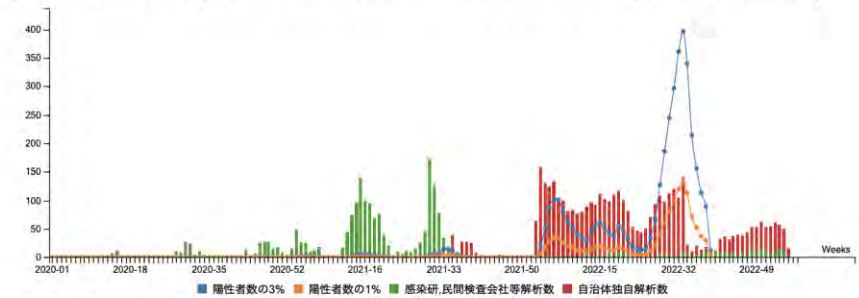
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

[Asia/Japan/Wakayama] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



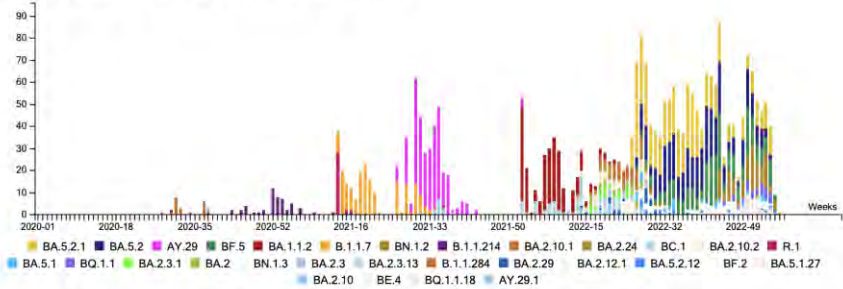
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)



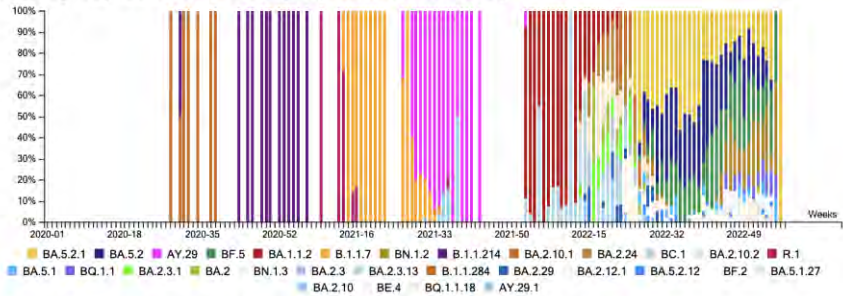
# 鳥取県

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



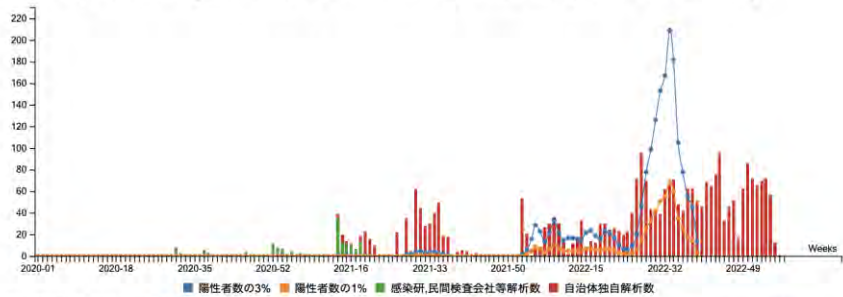
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

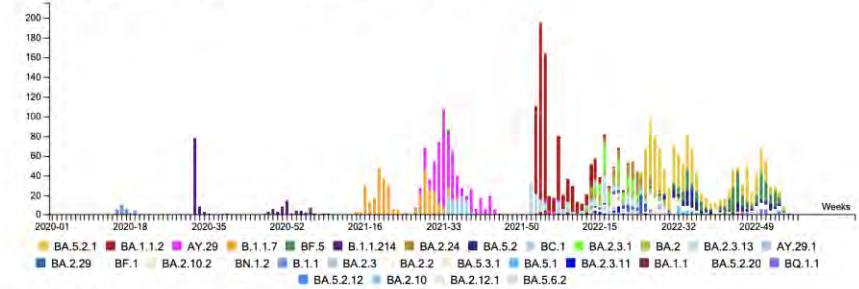
### [Asia/Japan/Tottori] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

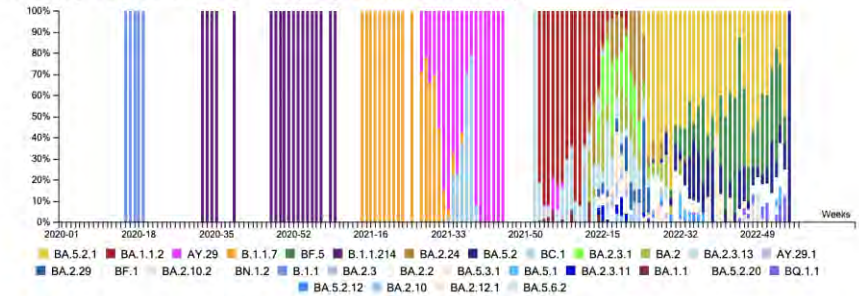
# 島根県

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



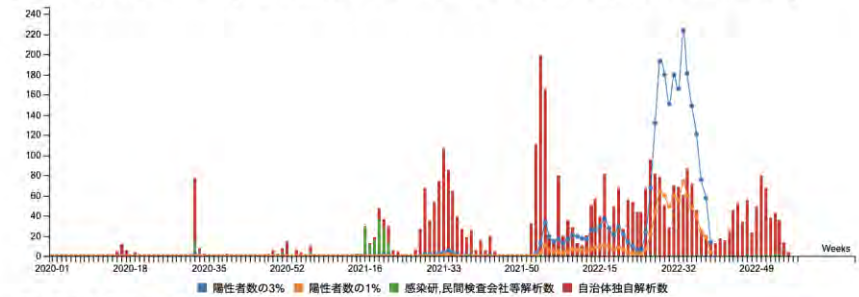
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

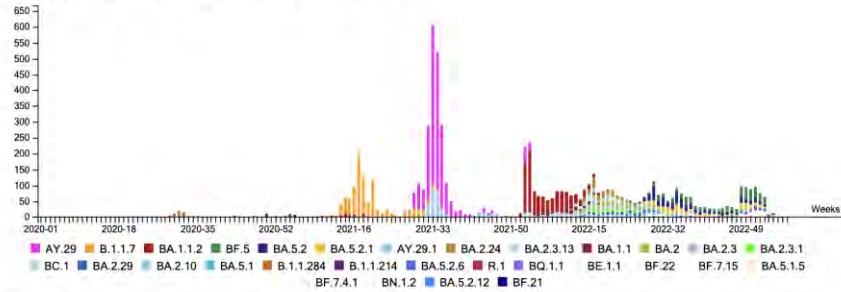
### [Asia/Japan/Shimane] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

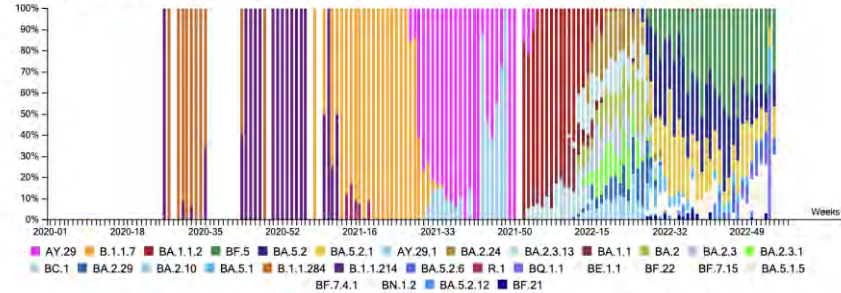
# 岡山県

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



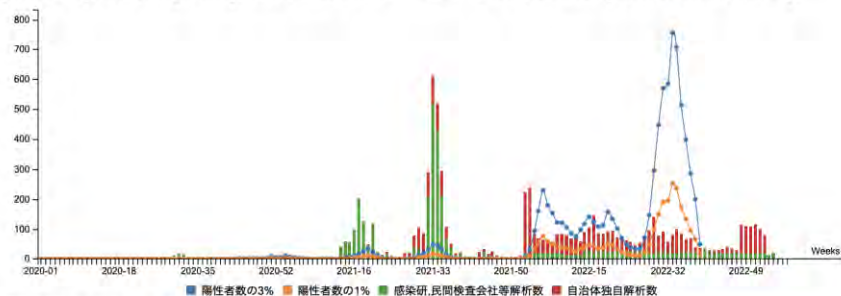
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

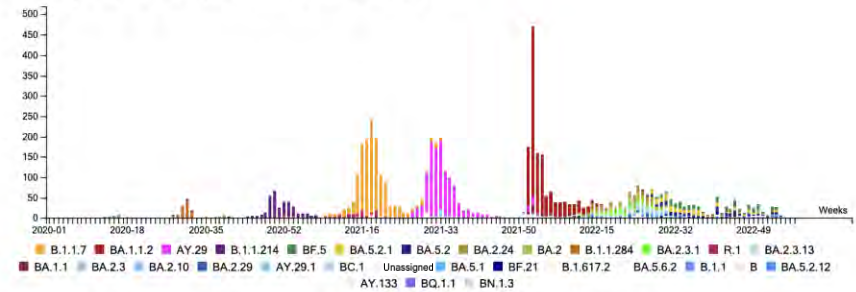
### [Asia/Japan/Okayama] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

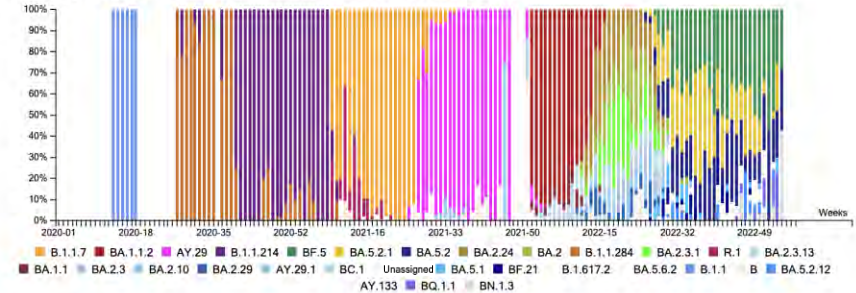
# 広島県

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



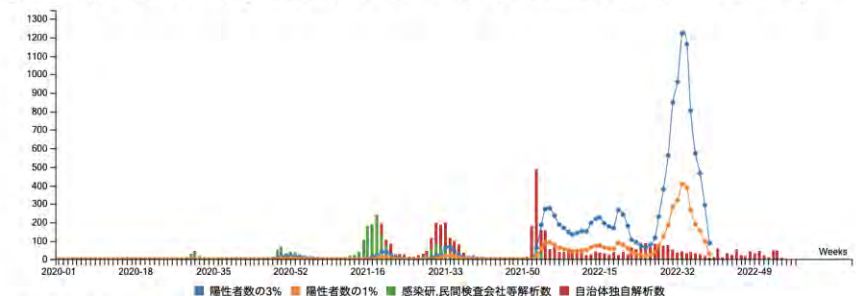
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

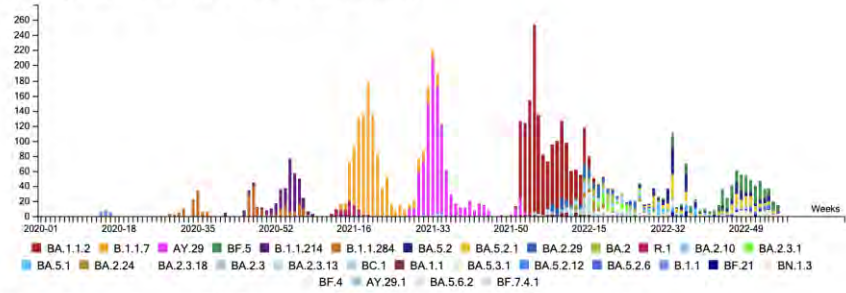
### [Asia/Japan/Hiroshima] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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

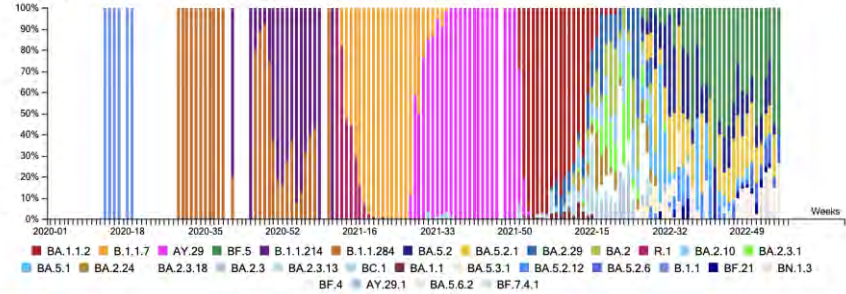
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

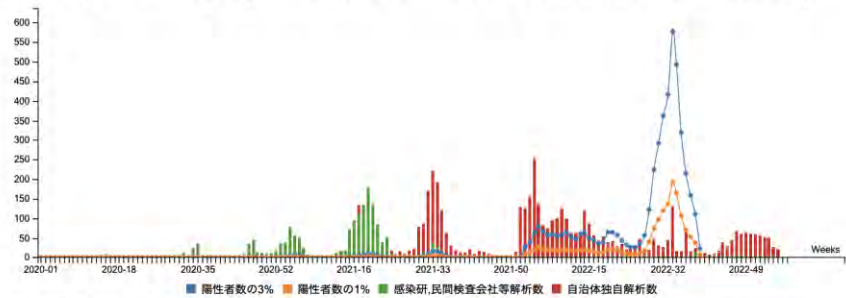
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Yamaguchi] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)

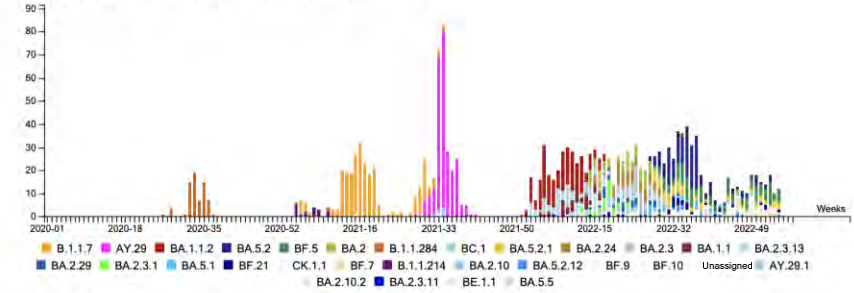


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

# 徳島県

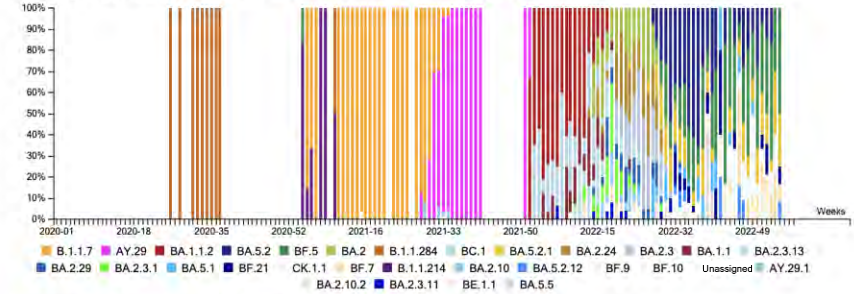
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

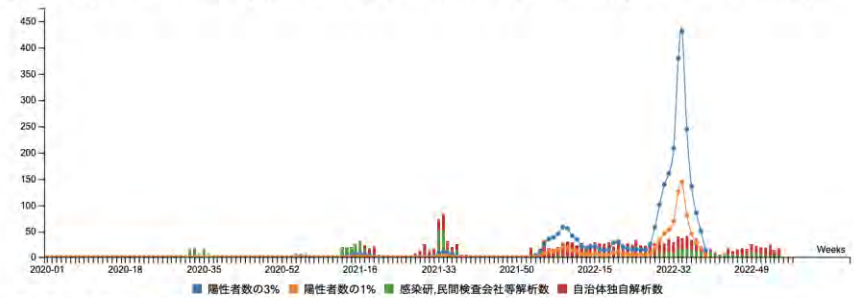
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Tokushima] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)

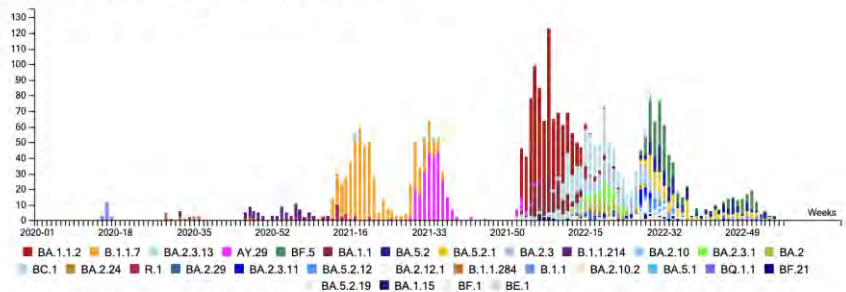


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

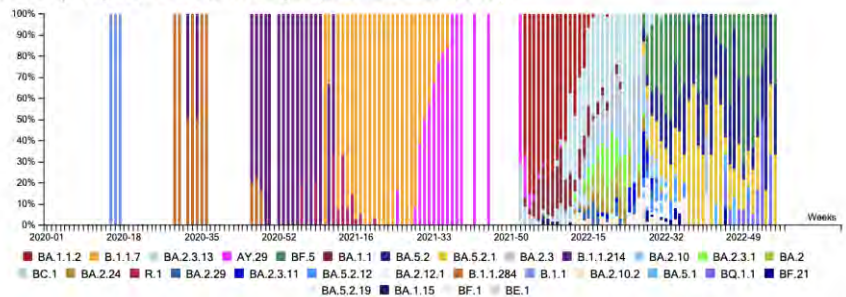
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

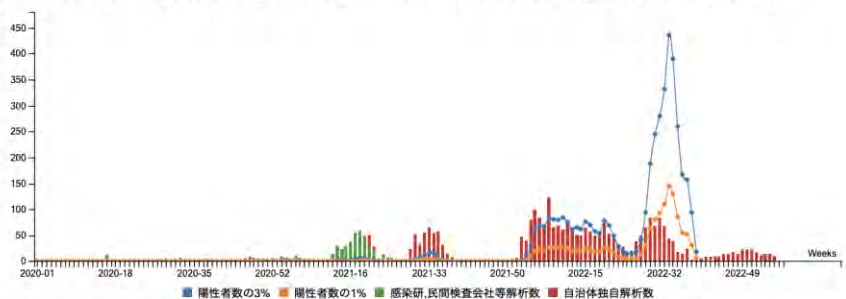
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Kagawa] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



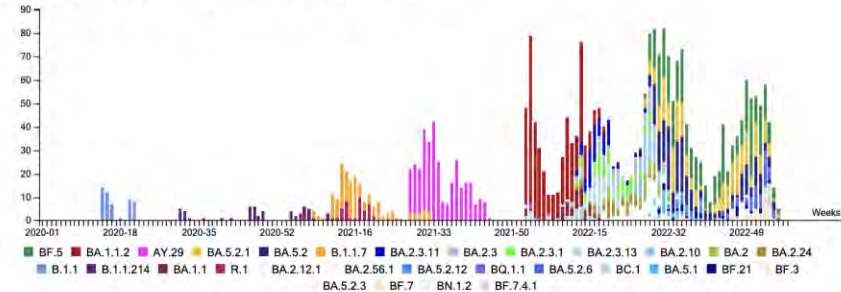
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 愛媛県

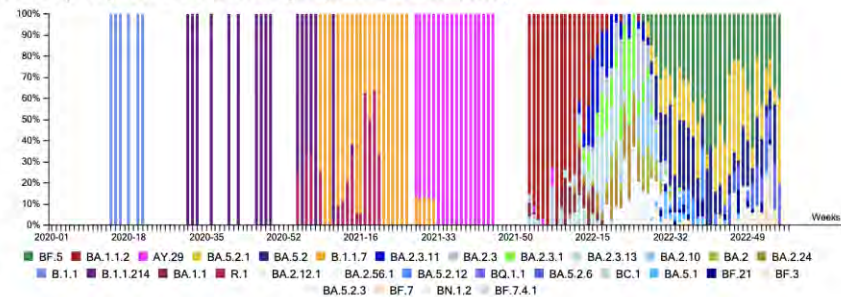
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

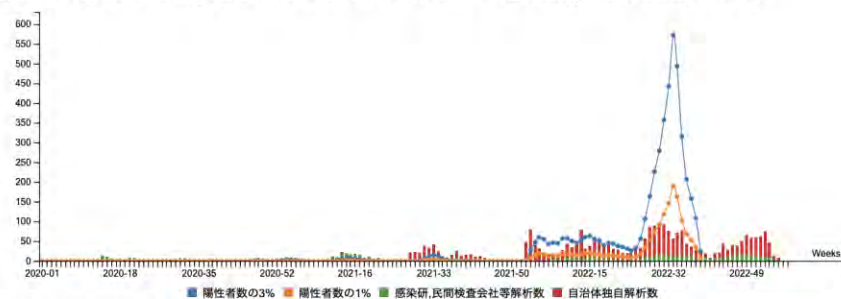
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Ehime] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



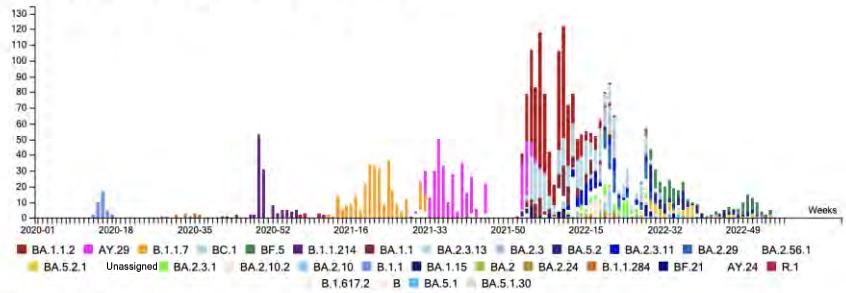
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

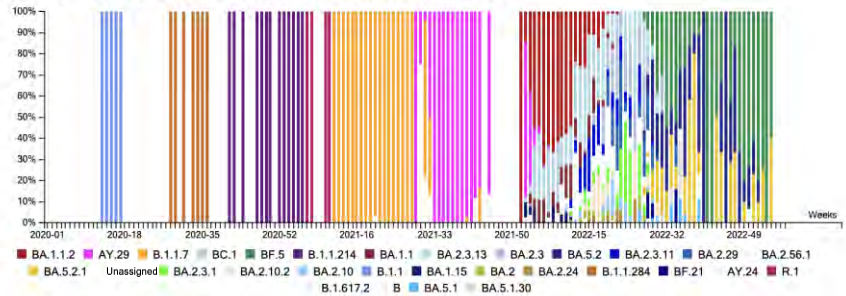
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

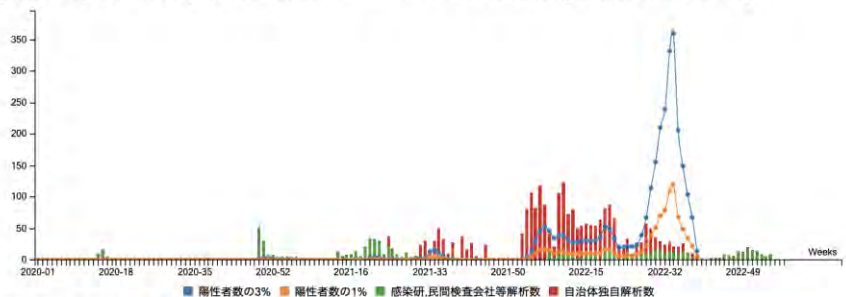
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

## [Asia/Japan/Kochi] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)

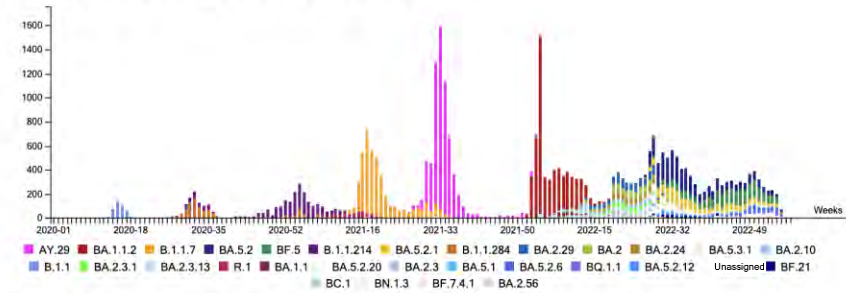


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

# 福岡県

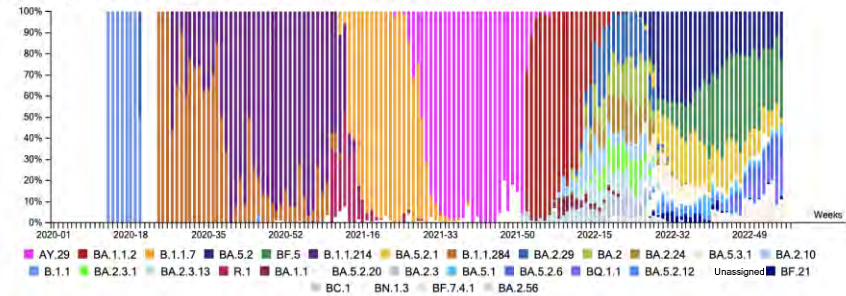
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

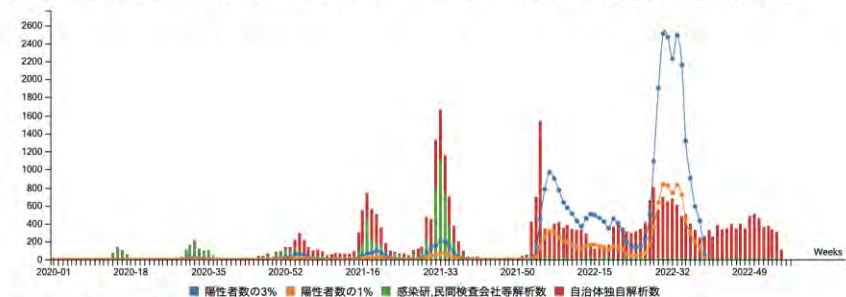
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

## [Asia/Japan/Fukuoka] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)

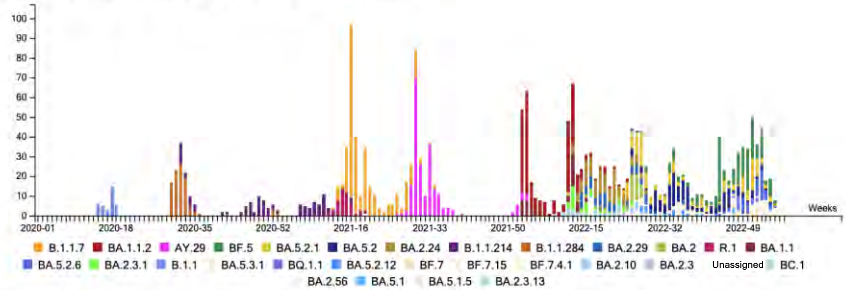


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

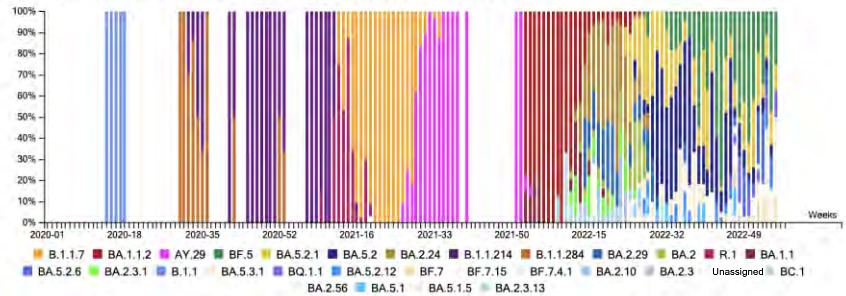
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

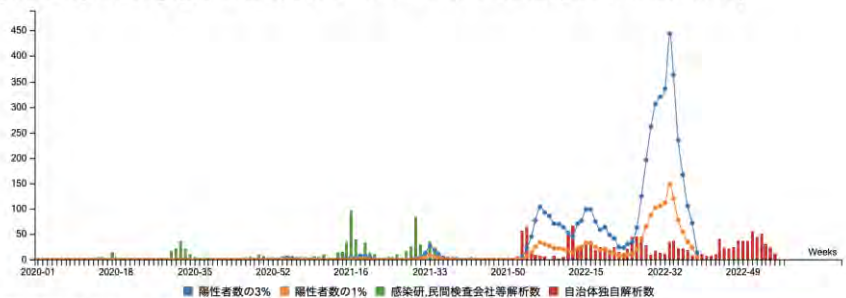
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Saga] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



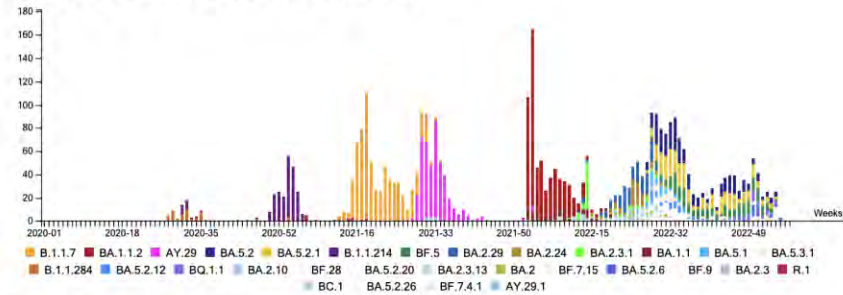
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 長崎県

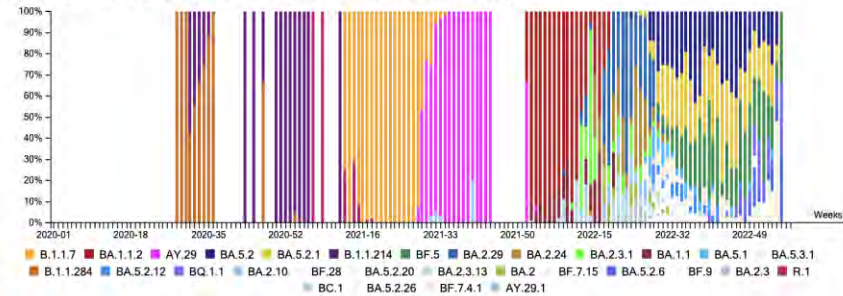
### Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

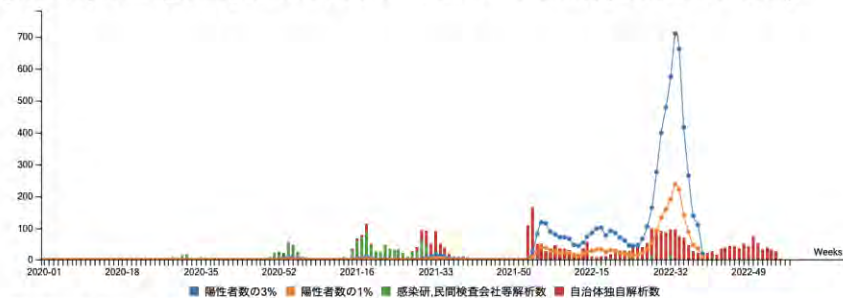
### Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

### [Asia/Japan/Nagasaki] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



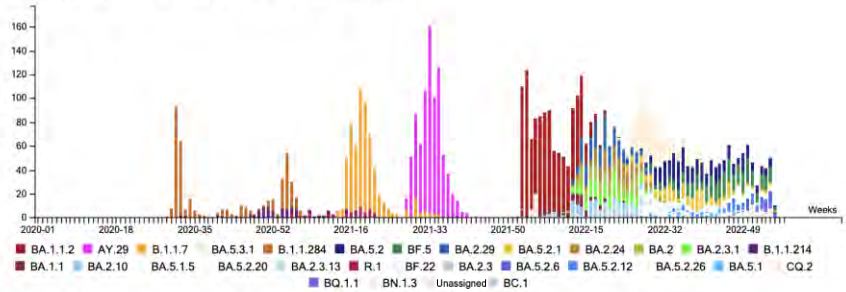
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

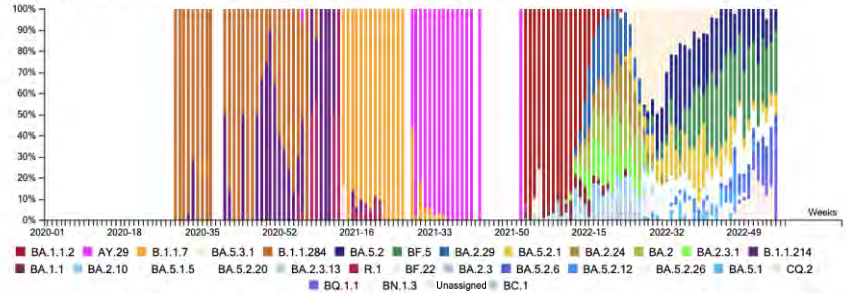
# 熊本県

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



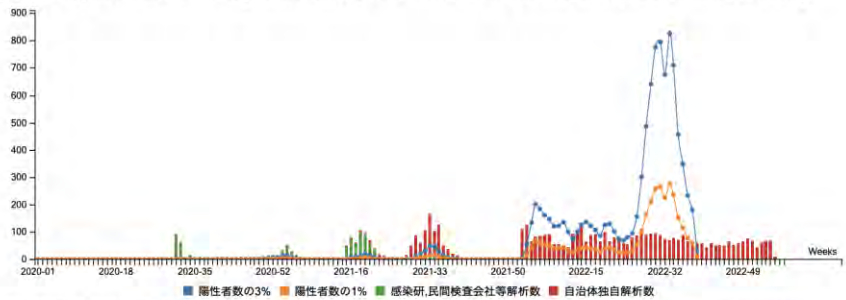
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

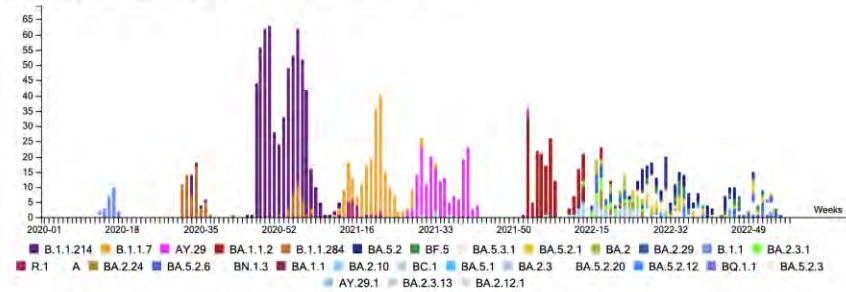
### [Asia/Japan/Kumamoto] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

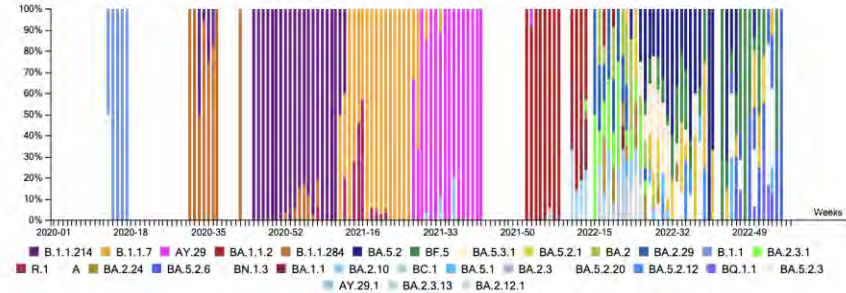
# 大分県

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



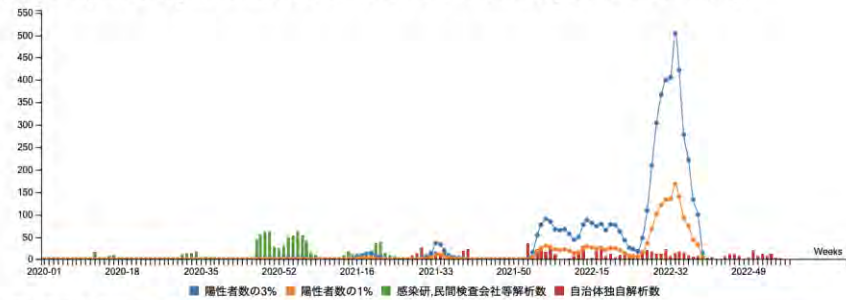
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

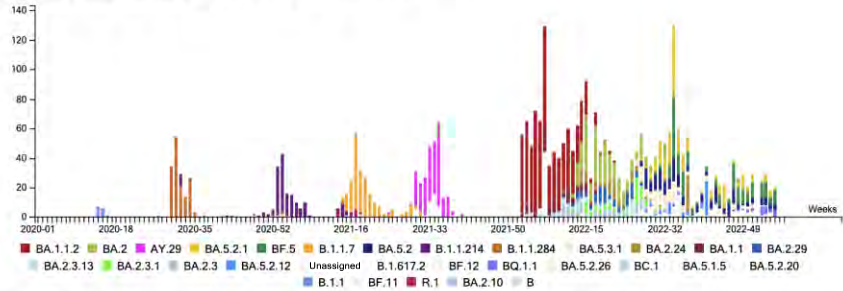
### [Asia/Japan/Oita] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

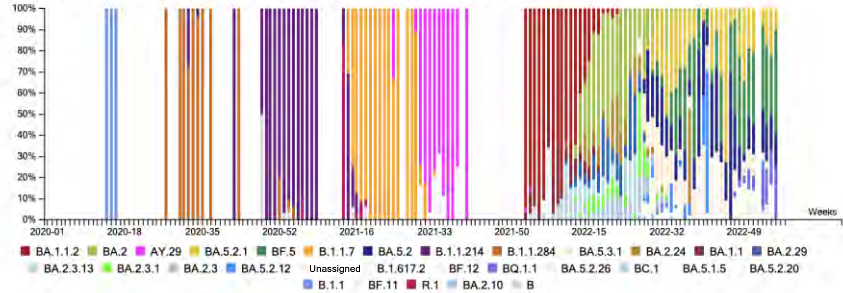
# 宮崎県

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



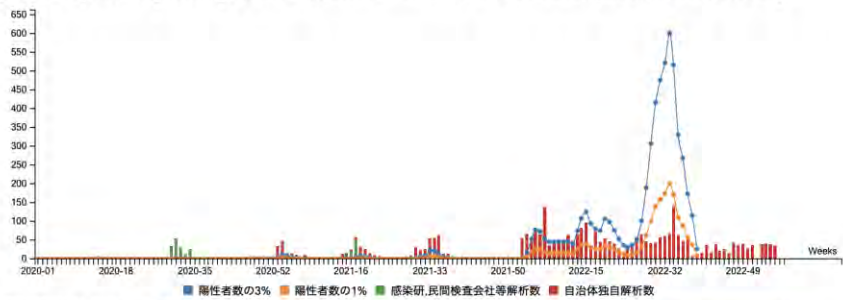
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

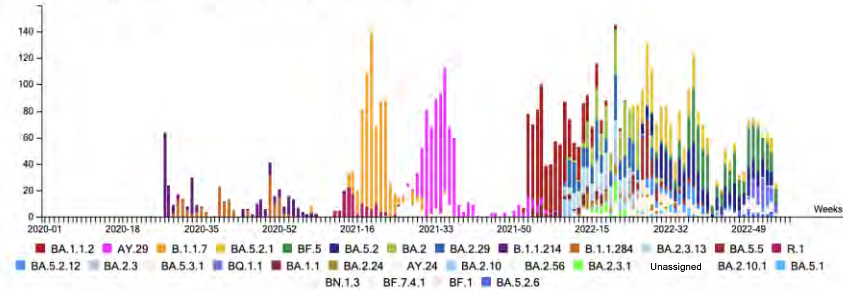
### [Asia/Japan/Miyazaki] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

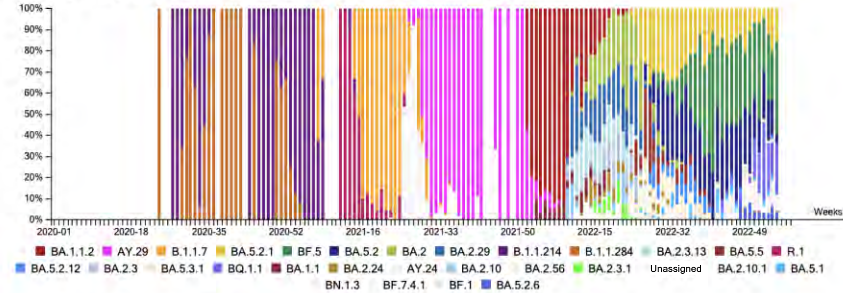
# 鹿児島県

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



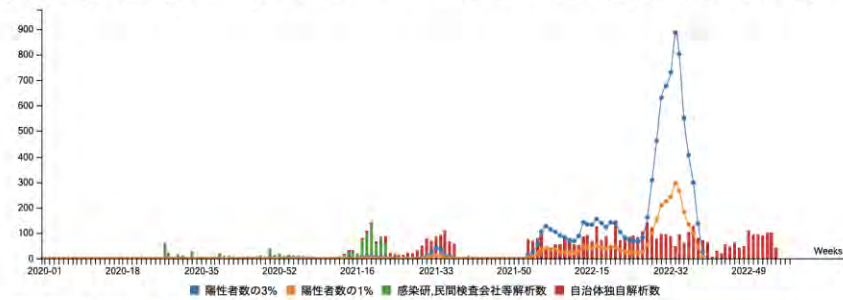
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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



Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

### [Asia/Japan/Kagoshima] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



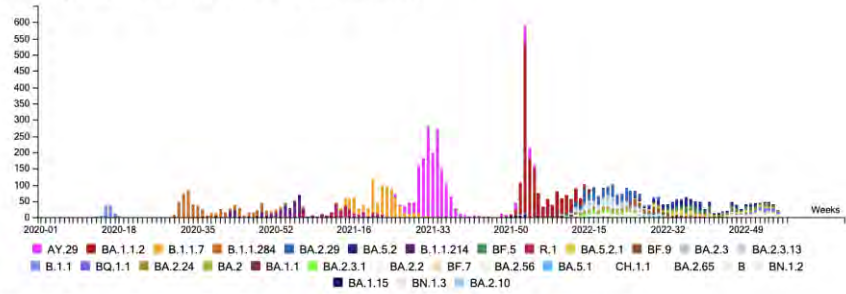
[陽性者数の計算について (集計元) 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>  
 [ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。  
 (いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

※地方衛生研究所で解析されたゲノム解析結果を含む。2022年10月以降、NHKによる陽性者集計の終了により更新していない。



# 沖縄県

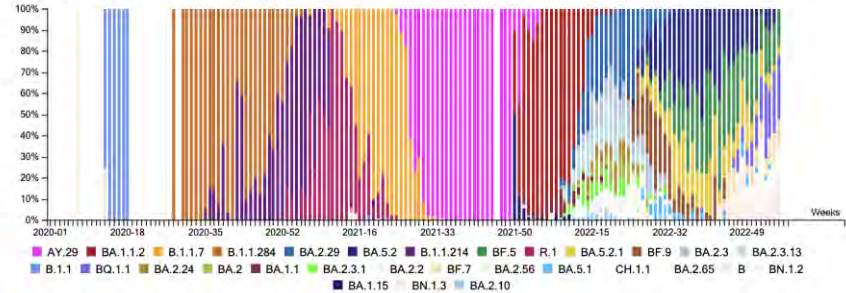
## Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

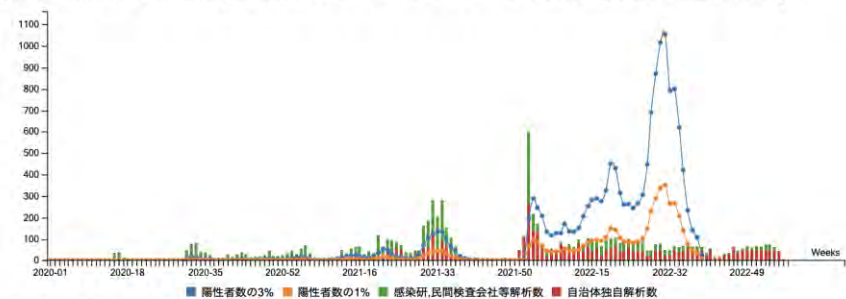
## Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

## [Asia/Japan/Okinawa] 陽性者数の3%・1% / 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)