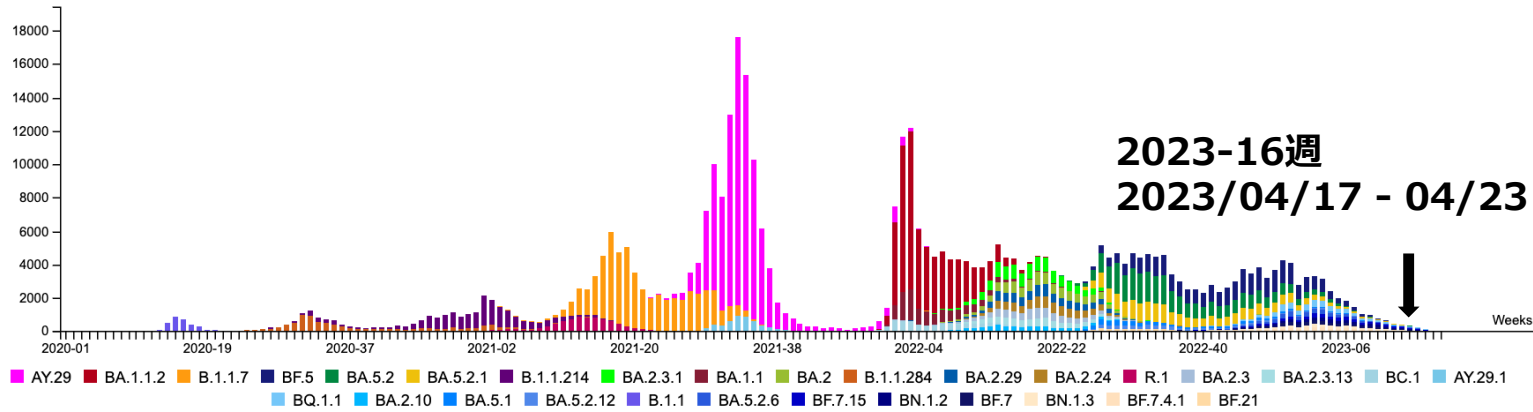


新型コロナウイルス ゲノムサーベイランスによる系統別検出状況（国立感染症研究所）

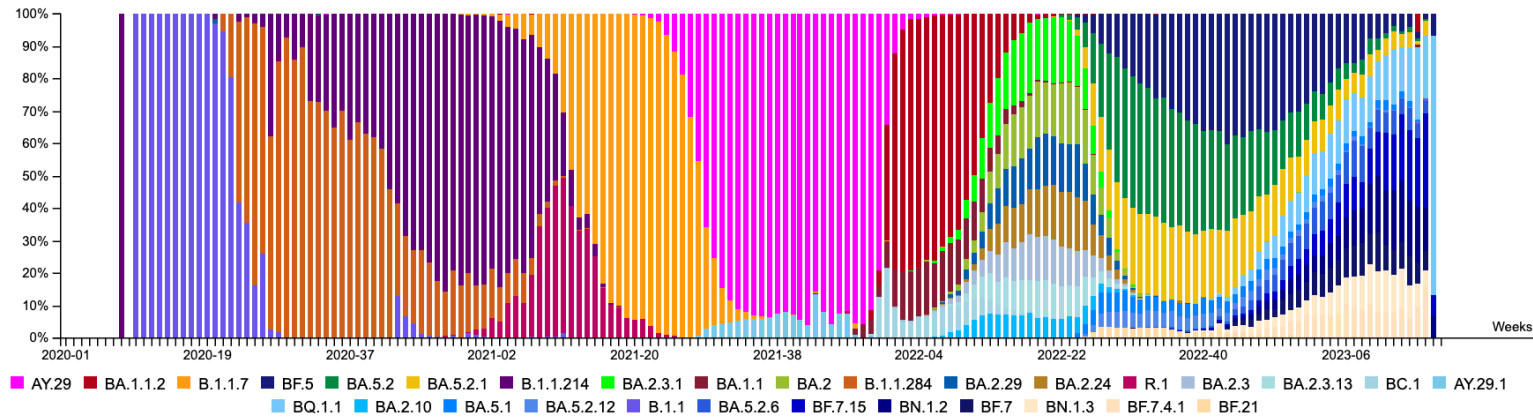
国内 新型コロナゲノムの PANGO lineage 変遷（2023/05/08現在）

[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	2023-16(w)		
BL.1	1	BF.7.4.1	21
BN.1	2	BF.9	1
BN.1.1	1	BQ.1	1
BN.1.2	18	BQ.1.1	26
BN.1.3	7	BQ.1.1.11	1
BN.1.3.2	6	BQ.1.1.18	6
BR.2	1	BQ.1.1.31	1
BR.2.1	1	BQ.1.18	2
CH.1	1	BQ.1.2	11
CH.1.1	13	BQ.1.22	6
CH.1.1.1	2	BQ.1.24	6
CJ.1	2	BQ.1.25	4
CM.8.1	3	BQ.1.28	3
BA.5.2	1	CK.1.1	10
BA.5.2.1	6	CR.1	3
BA.5.2.6	5	XAA	1
BE.1.1.1	1	XAZ	1
BF.11	10	XBB	3
BF.26	1	XBB.1	40
BF.5	2	XBB.1.5	154
BF.5.2	1	XBB.1.8	1
BF.7	8	XBB.1.9	36
BF.7.14	4	XBB.1.9.1	234
BF.7.15	39	XBB.2	18
BF.7.4	3	XBL	8
		Unassigned	8

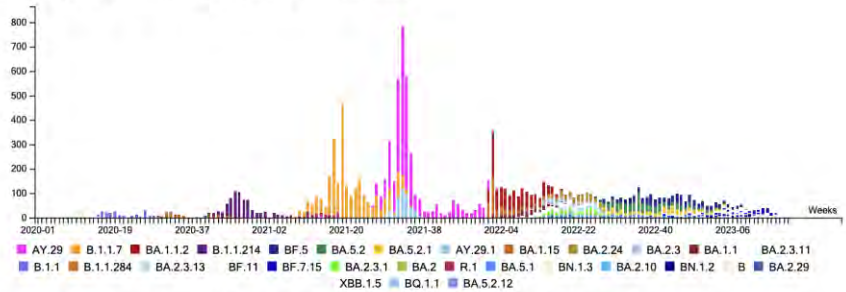
16週の時点で XBB系統 65.2%、BA.1 0%、BA.2 7.8%、※その他の株は BA.4 0%、BA.5 24.6%、デルタ株 0%、それ以外 2.4% 検出されていない。であった。※それぞれの下位系統を含む

※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

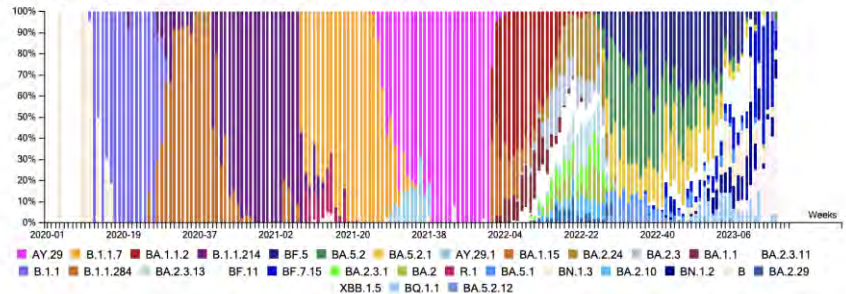
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

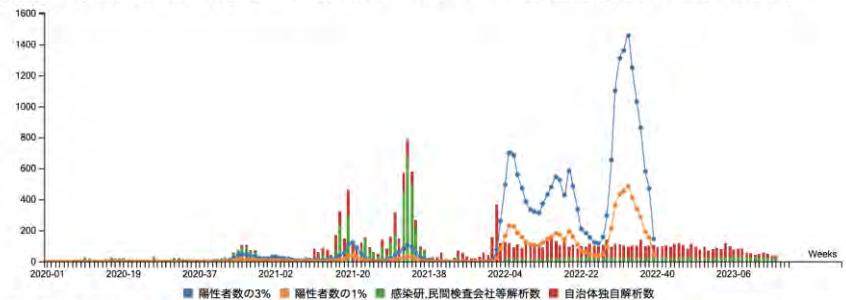
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



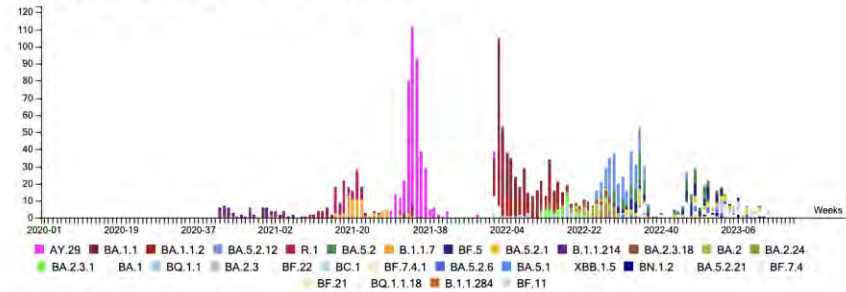
[陽性者数の計算について (集計元) 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

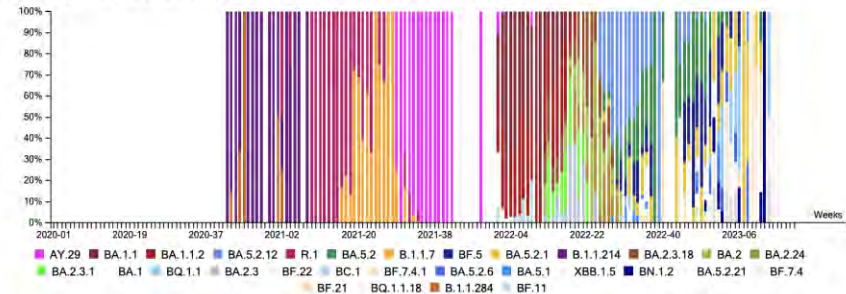
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

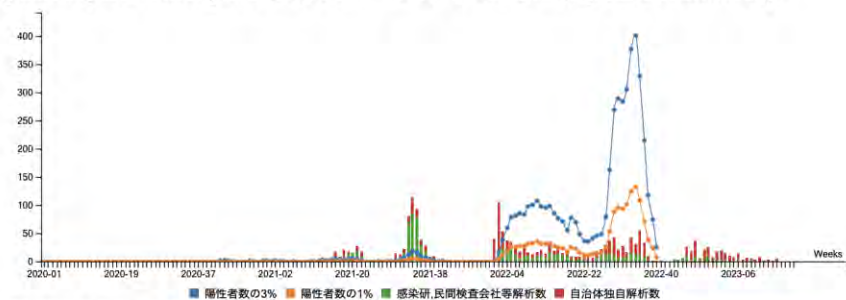
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



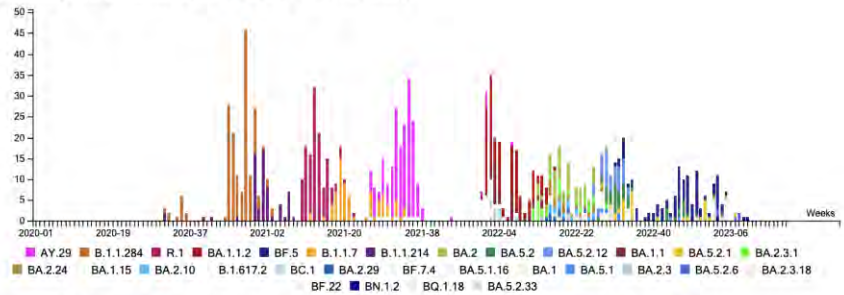
[陽性者数の計算について (集計元) 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

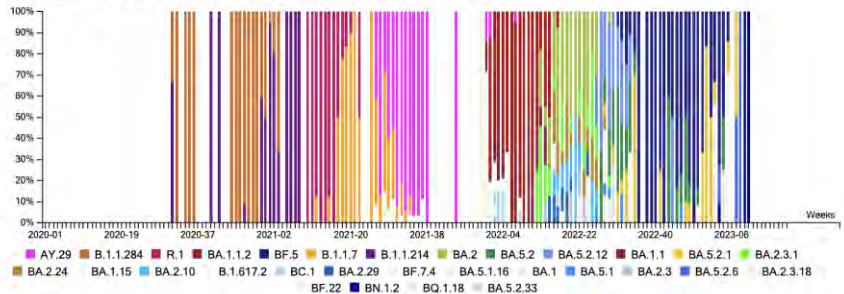
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

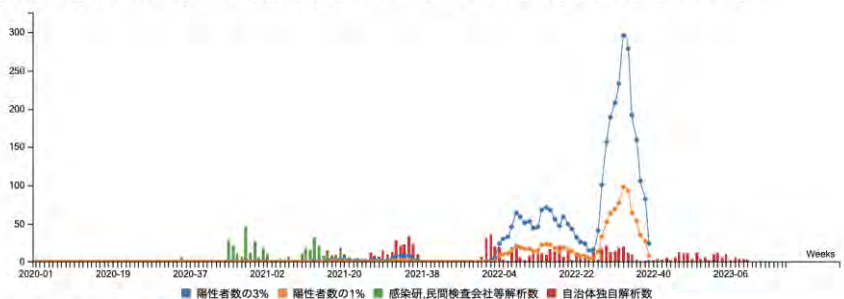
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



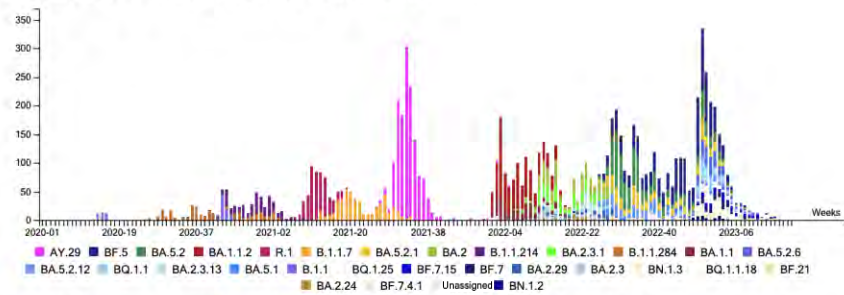
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

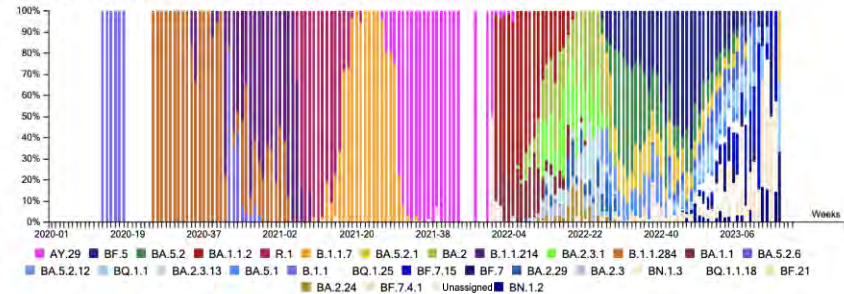
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

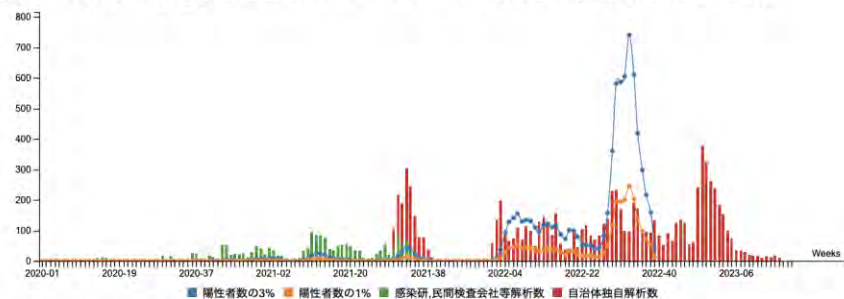
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



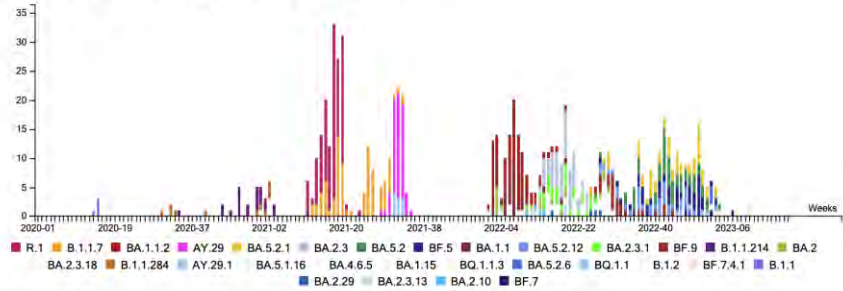
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

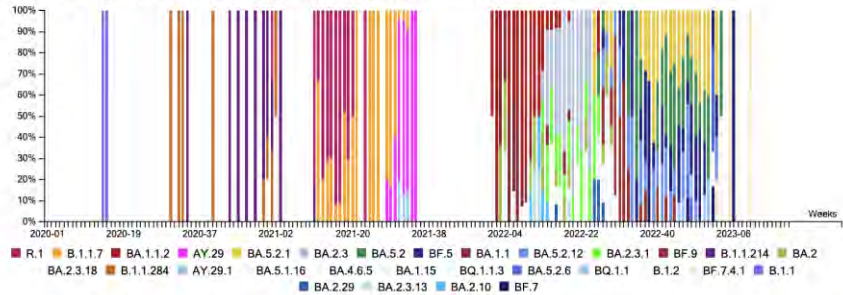
秋田県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



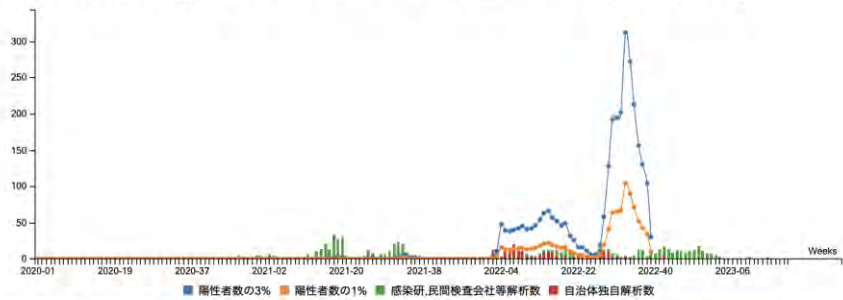
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

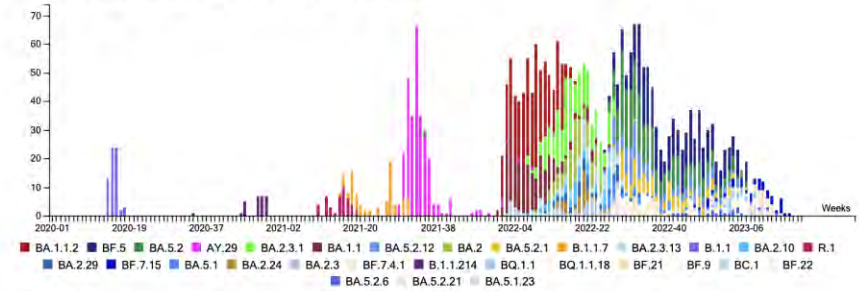
[Asia/Japan/Akita] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

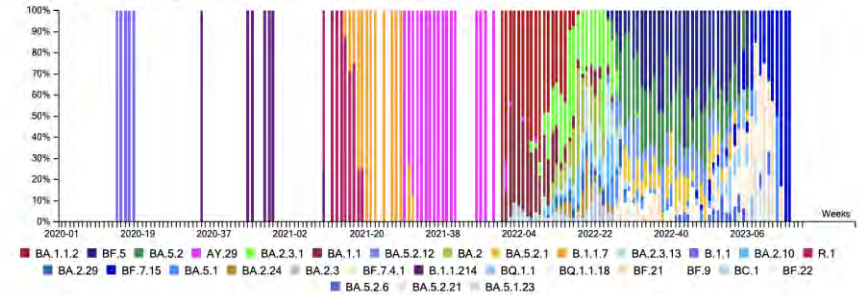
山形県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



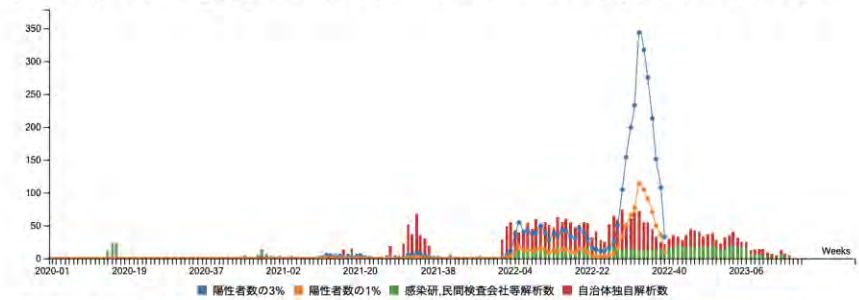
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

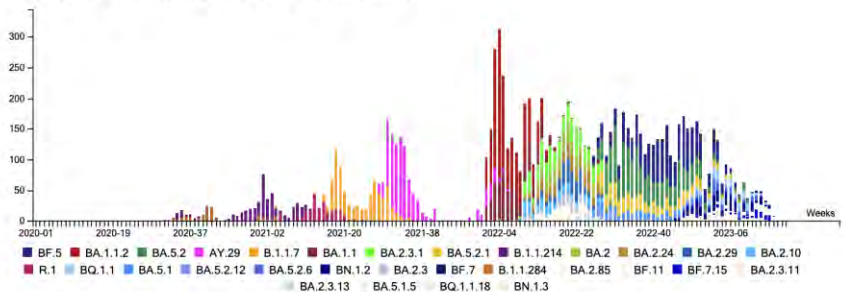
[Asia/Japan/Yamagata] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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

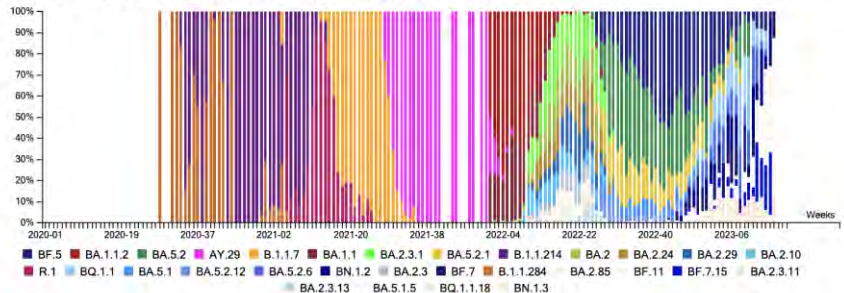
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

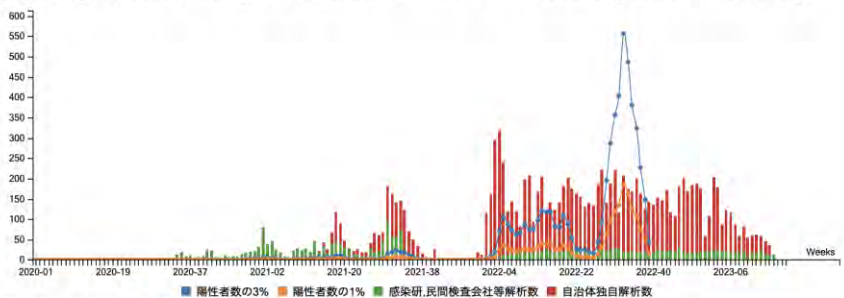
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

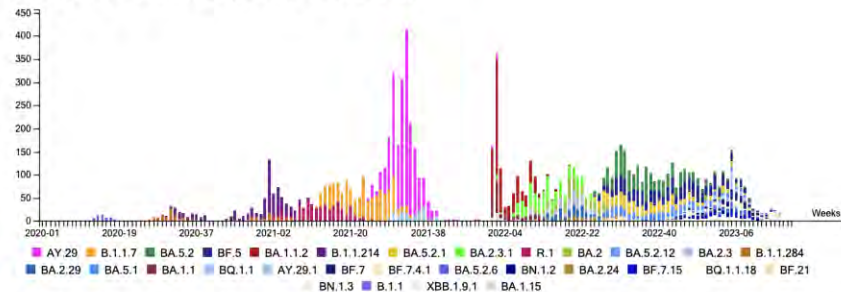


[陽性者数の計算について (集計元) 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

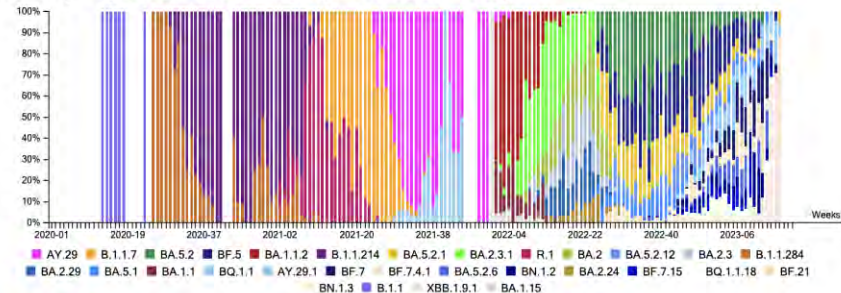
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

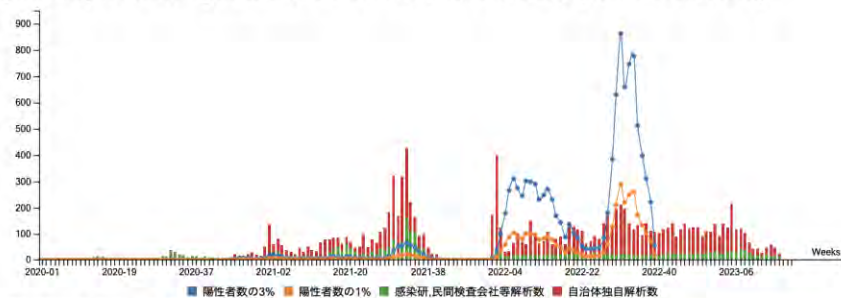
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

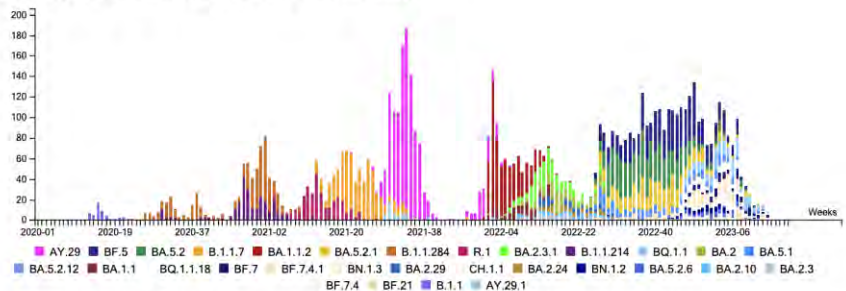


[陽性者数の計算について (集計元) 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

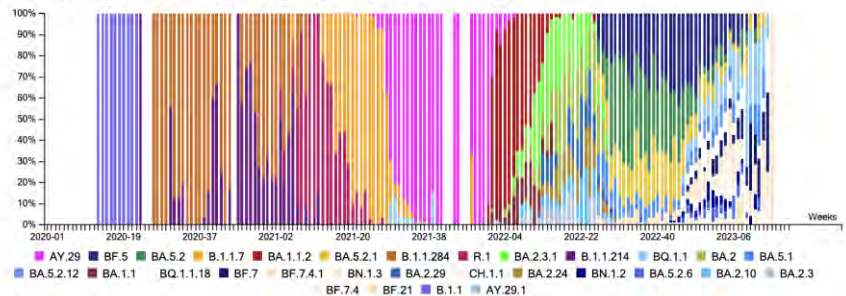
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

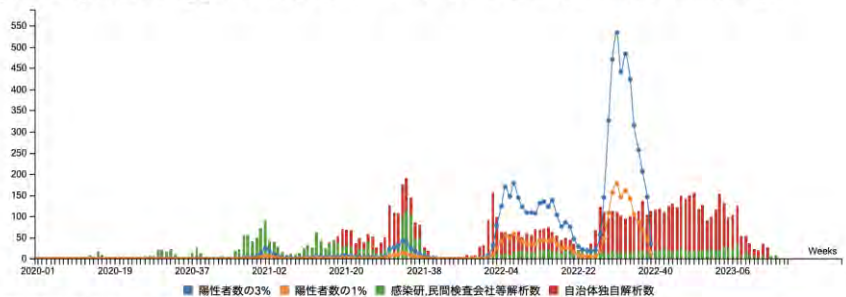
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

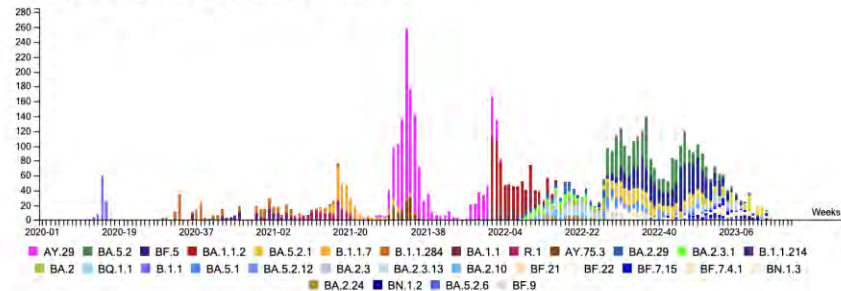


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

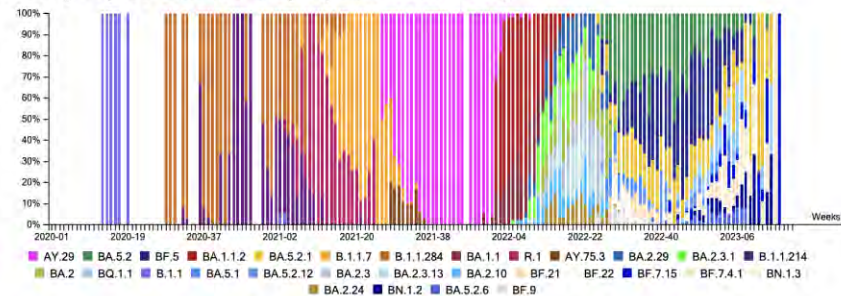
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

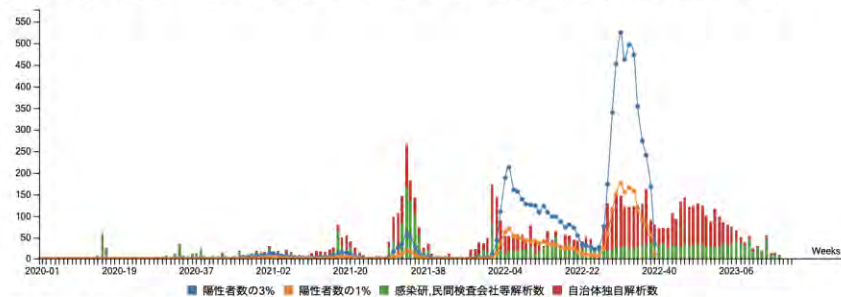
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

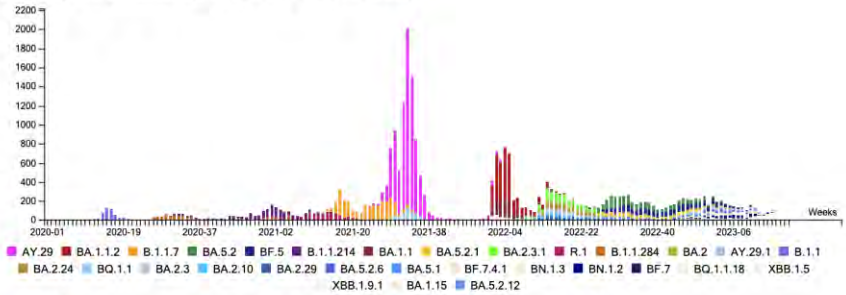


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

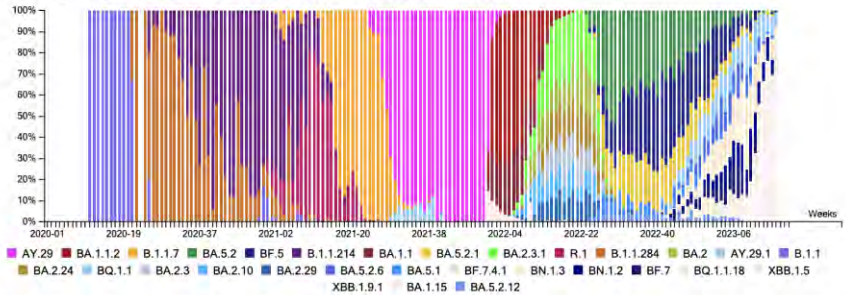
埼玉県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



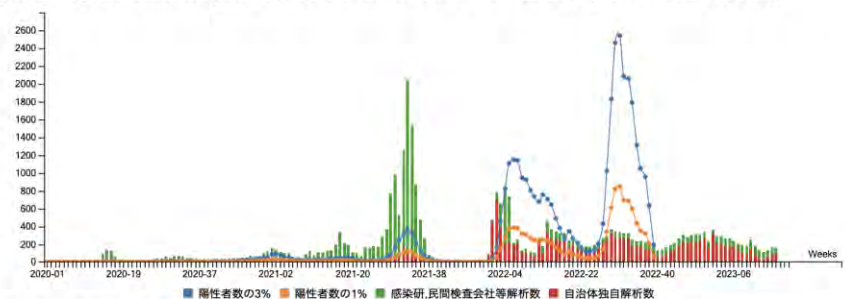
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

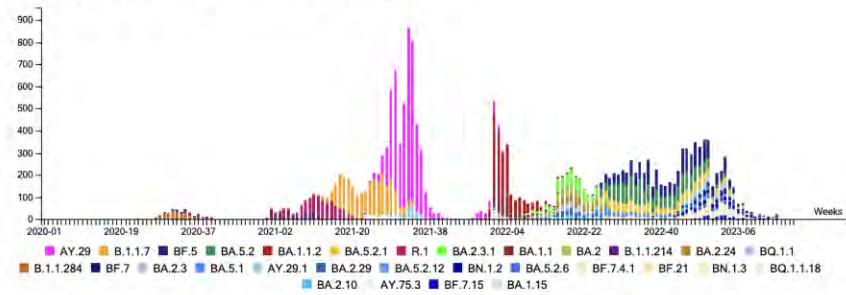
[Asia/Japan/Saitama] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

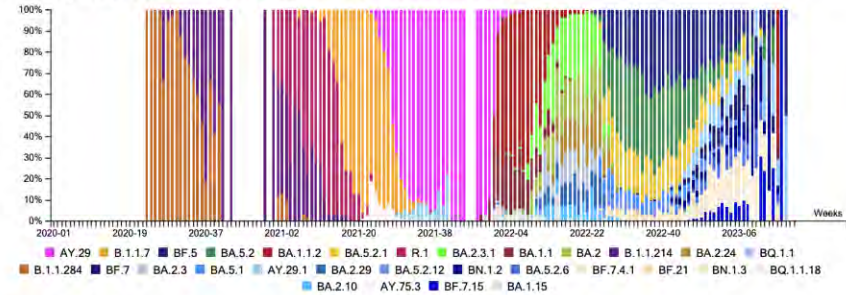
千葉県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



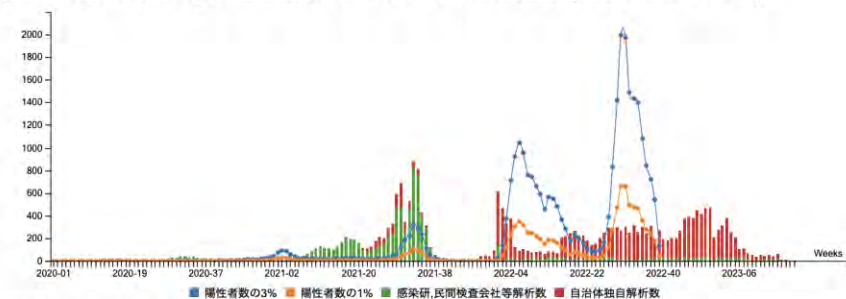
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

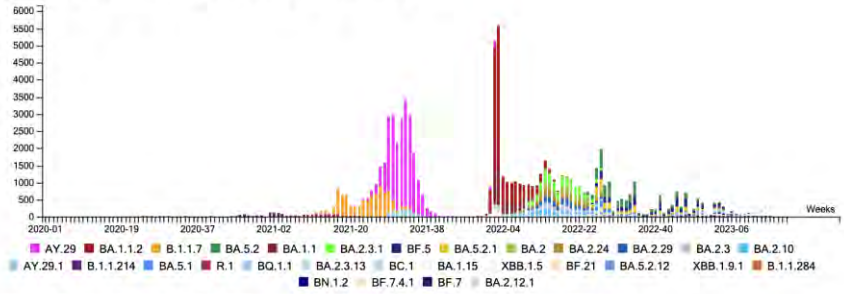
[Asia/Japan/Chiba] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

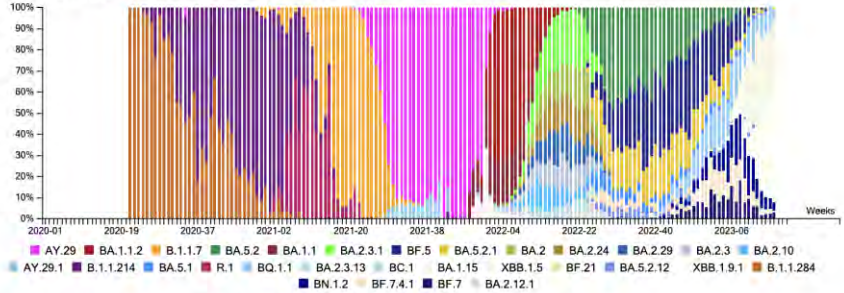
東京都

Weekly Top 30 Graph (count each week)



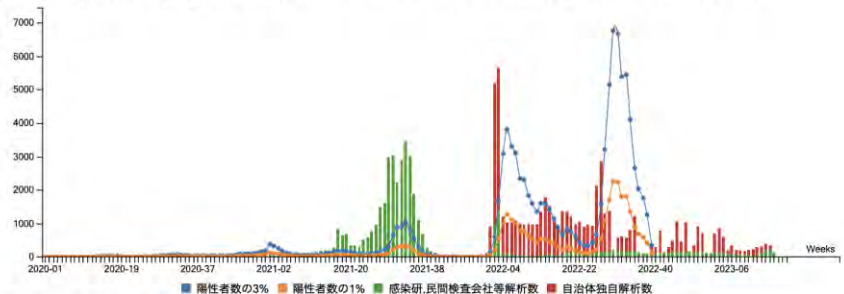
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

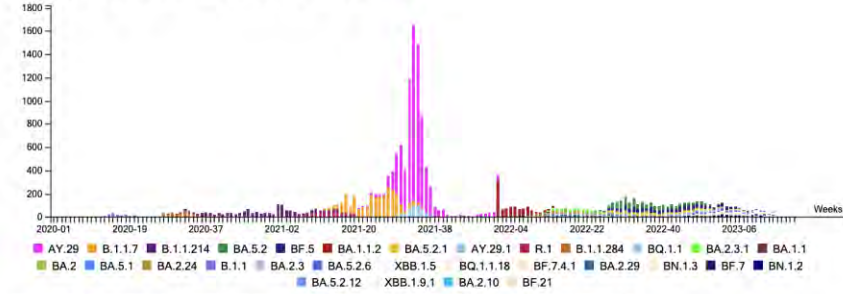
[Asia/Japan/Tokyo] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

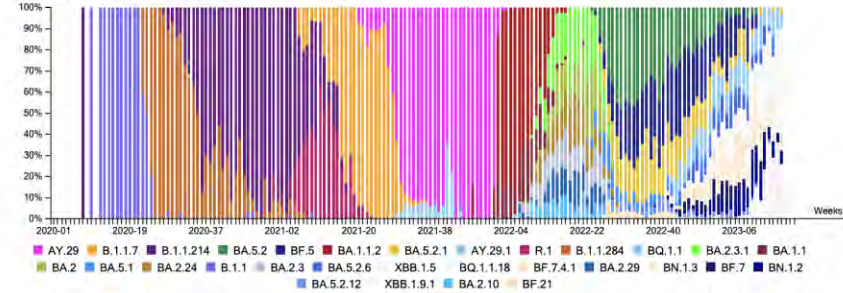
神奈川県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



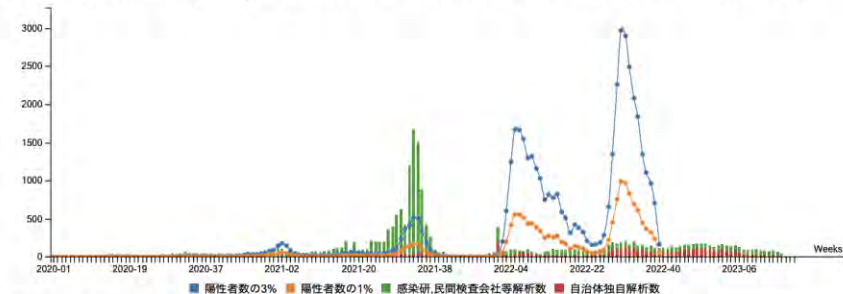
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

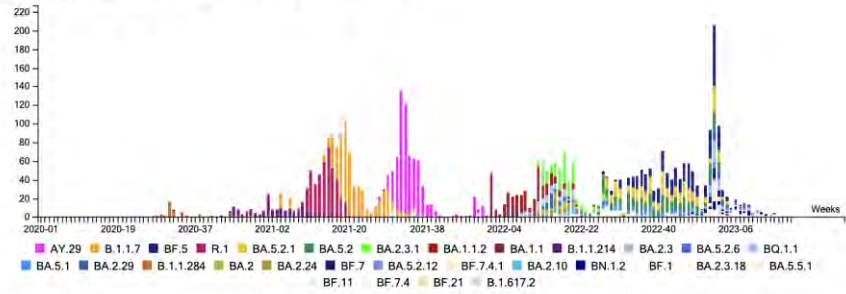
[Asia/Japan/Kanagawa] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

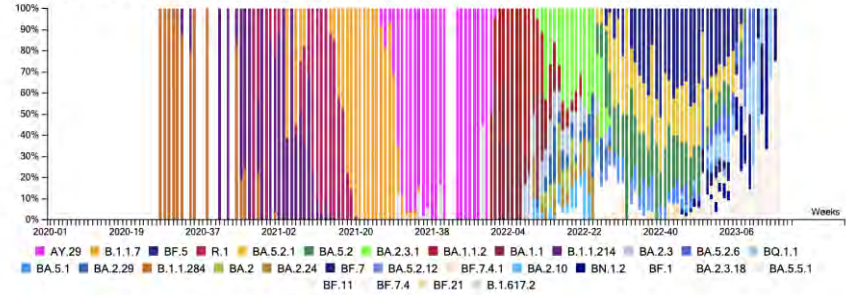
新潟県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



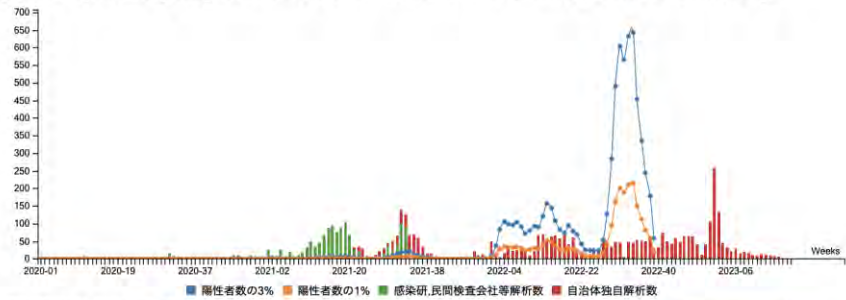
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

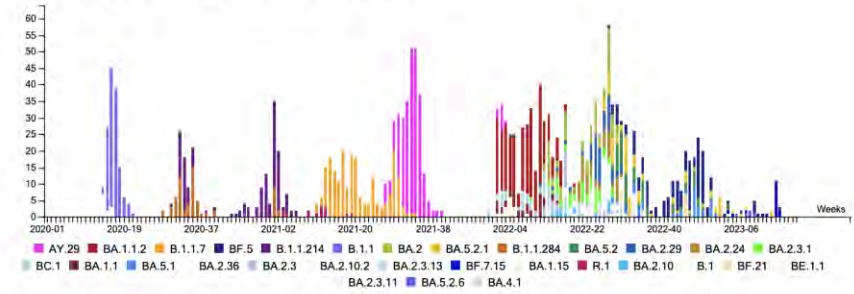
[Asia/Japan/Niigata] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

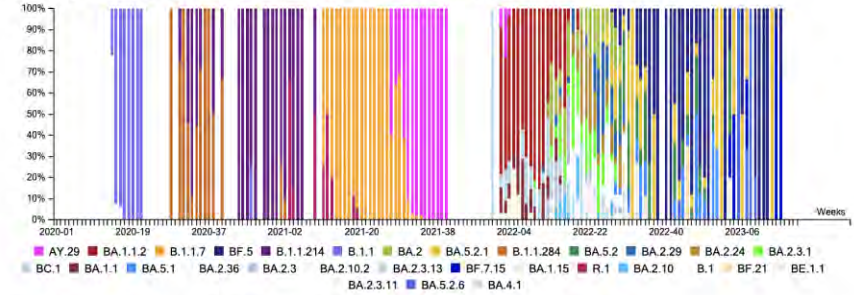
富山県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



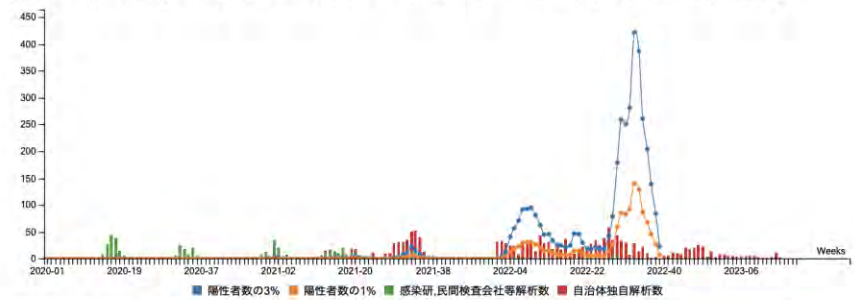
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

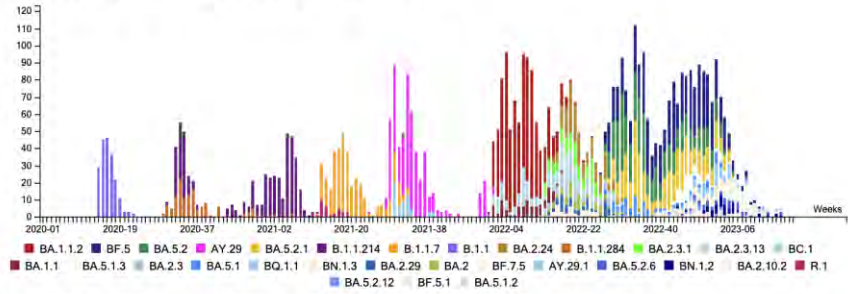
[Asia/Japan/Toyama] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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

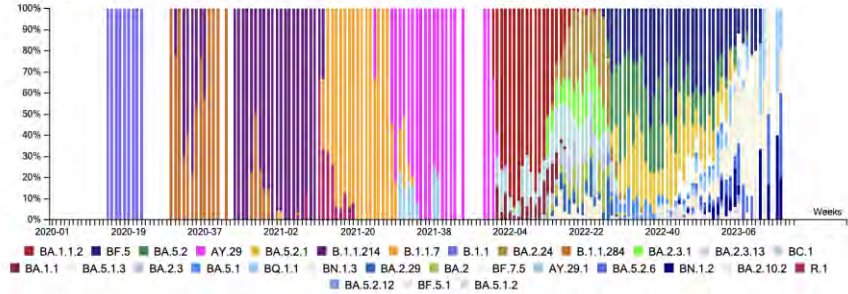
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

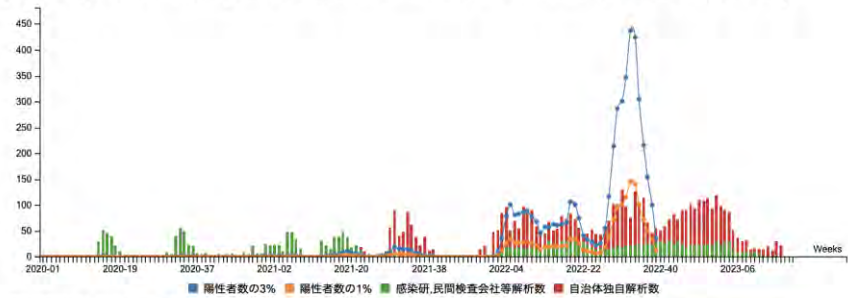
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

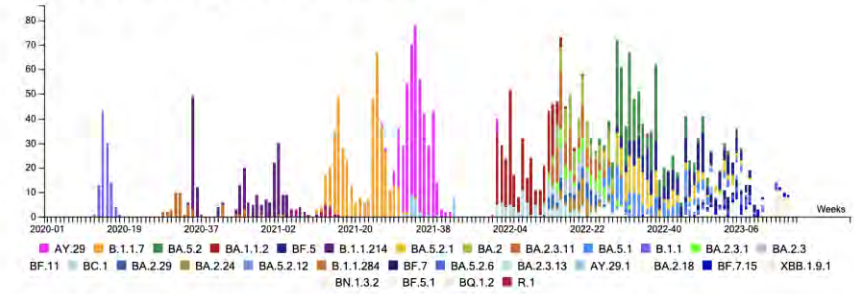


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

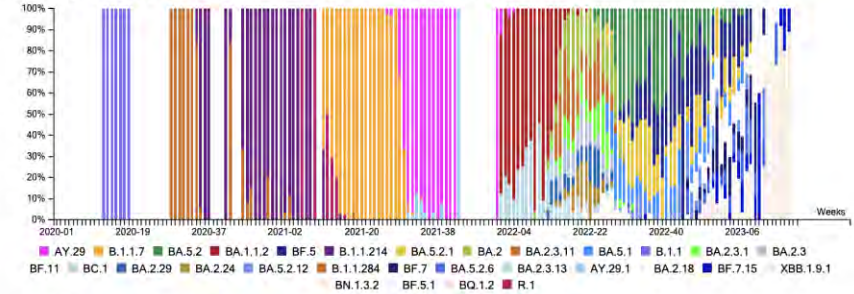
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

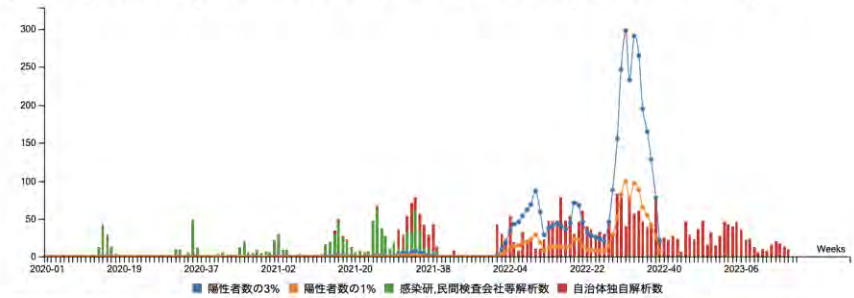
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

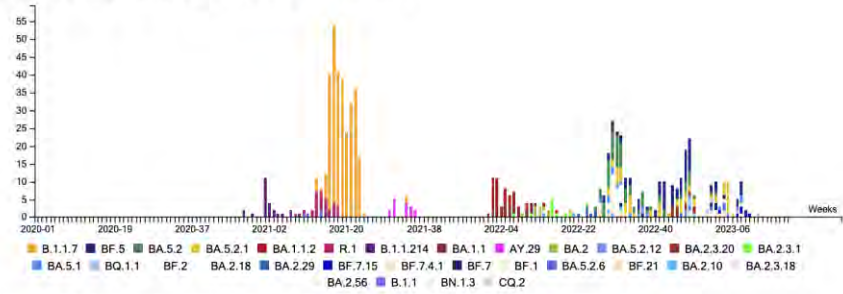


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

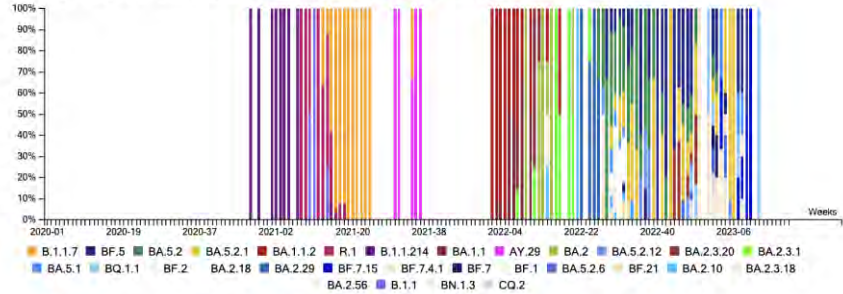
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

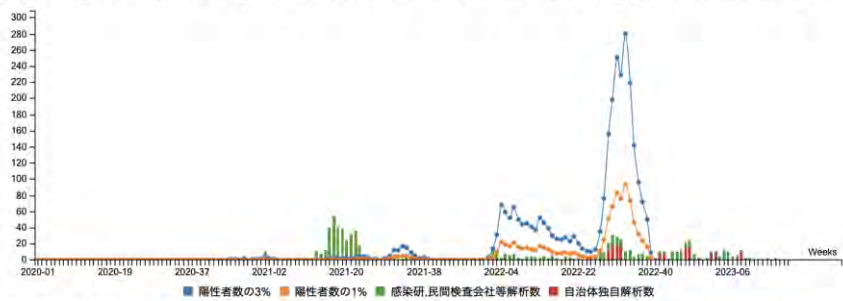
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

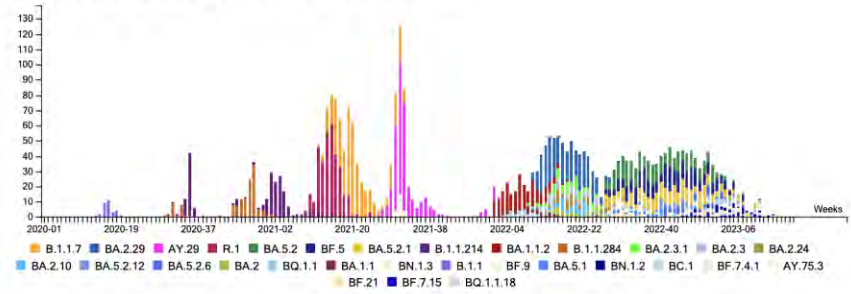


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

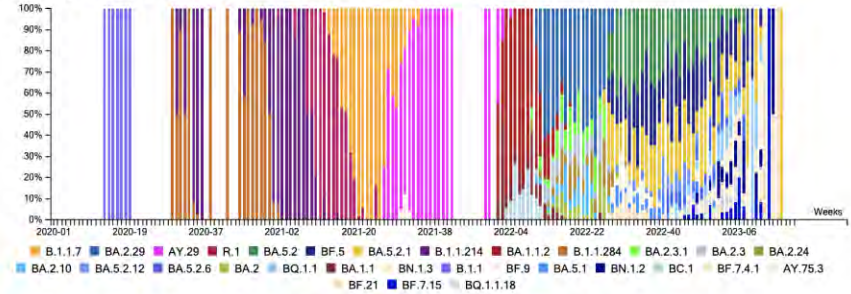
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

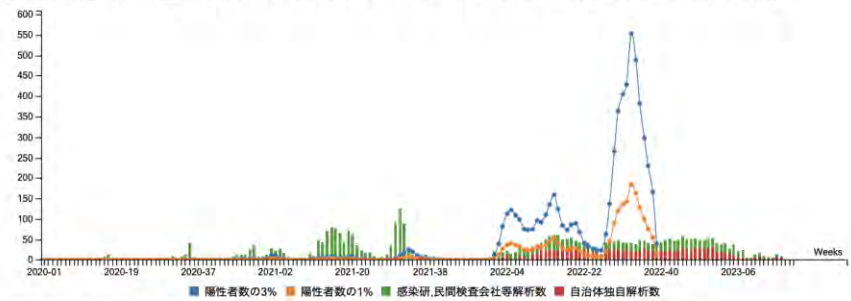
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

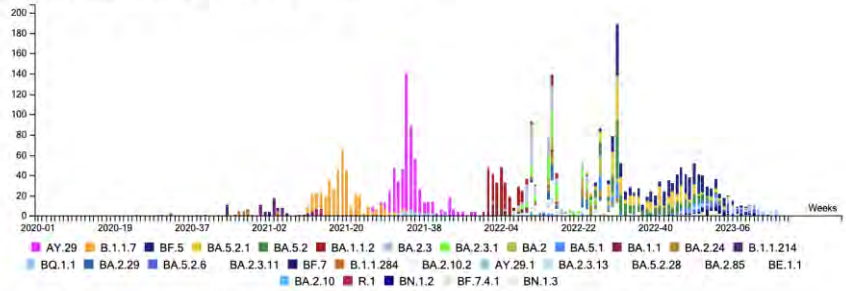


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

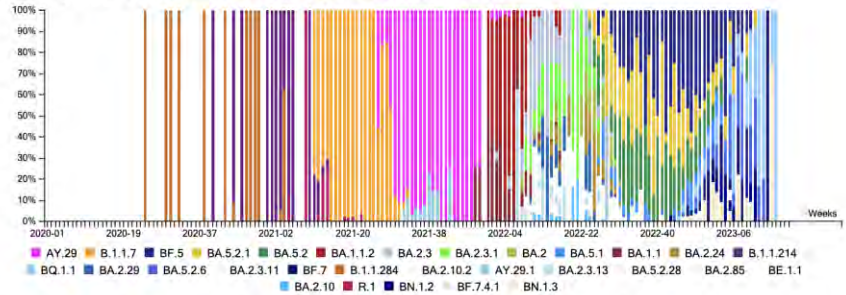
岐阜県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



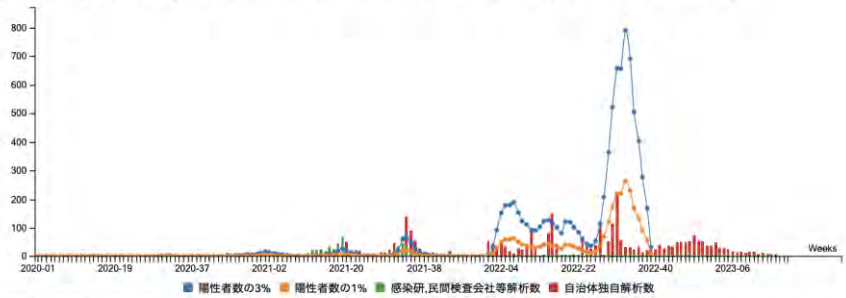
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

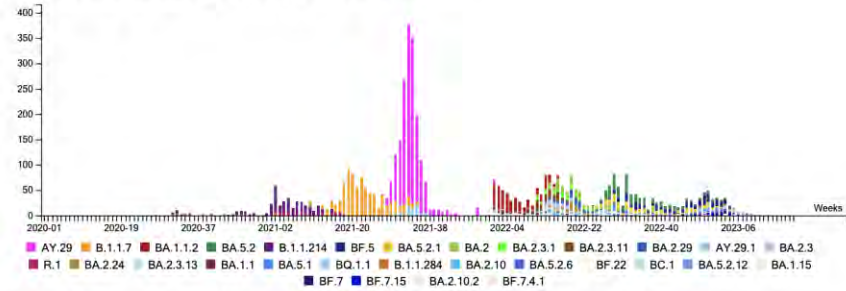
[Asia/Japan/Gifu] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

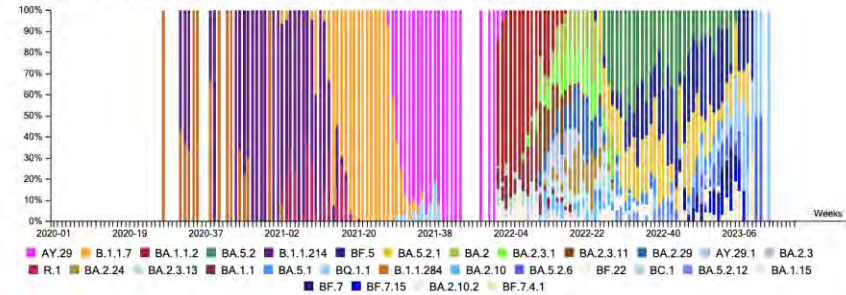
静岡県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



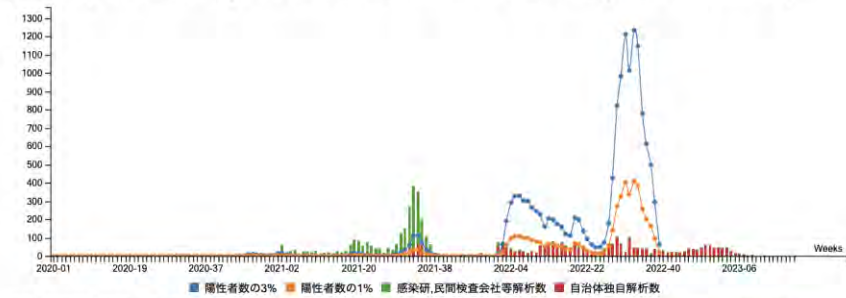
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

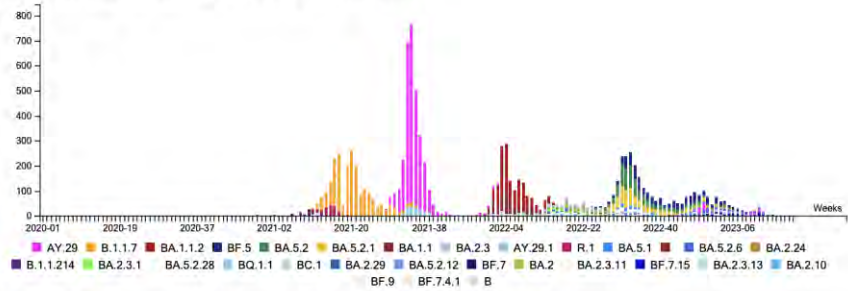
[Asia/Japan/Shizuoka] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

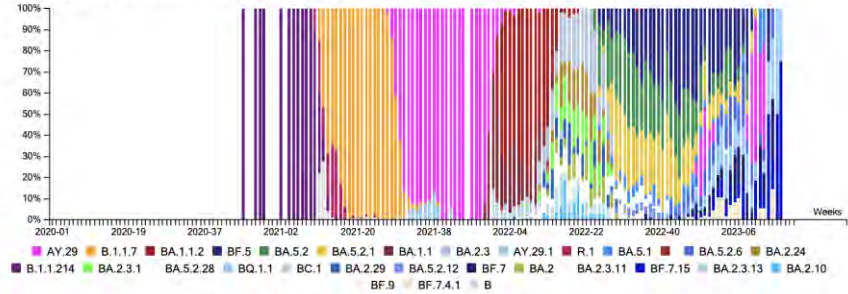
愛知県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



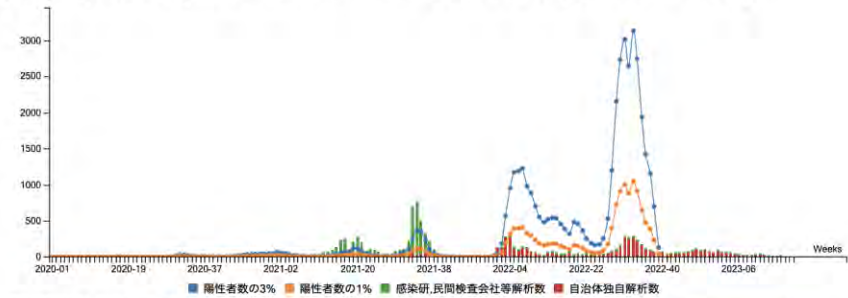
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

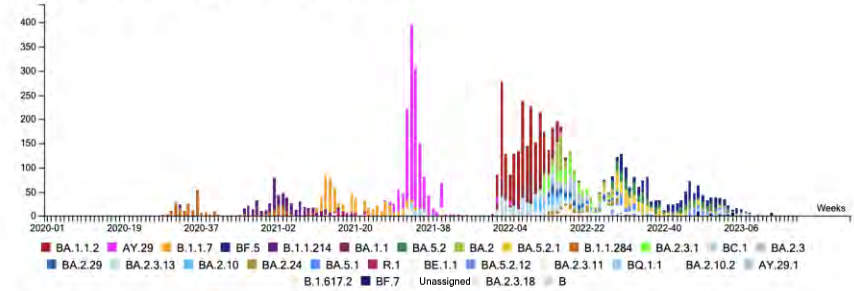
[Asia/Japan/Aichi] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

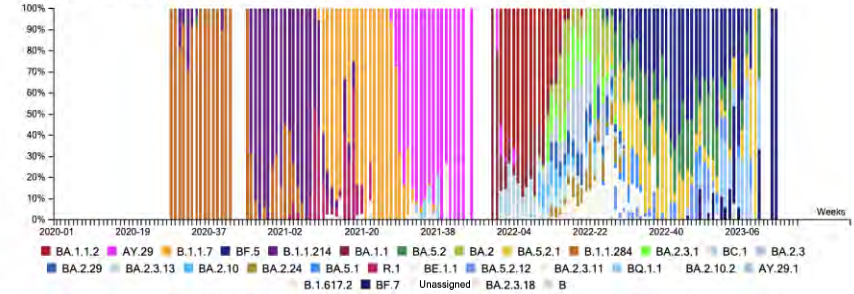
三重県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



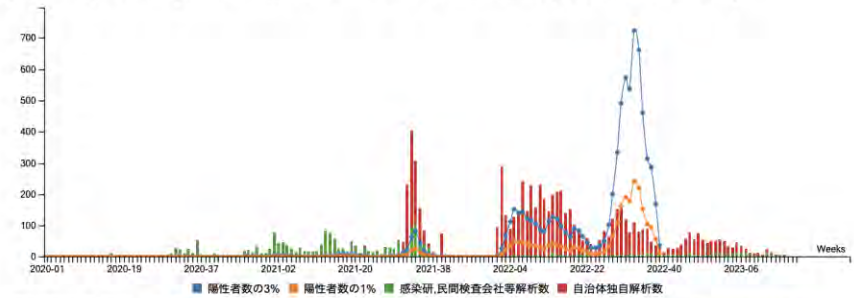
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

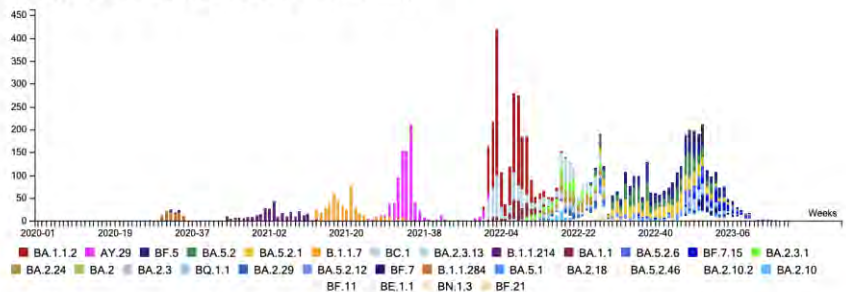
[Asia/Japan/Mie] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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

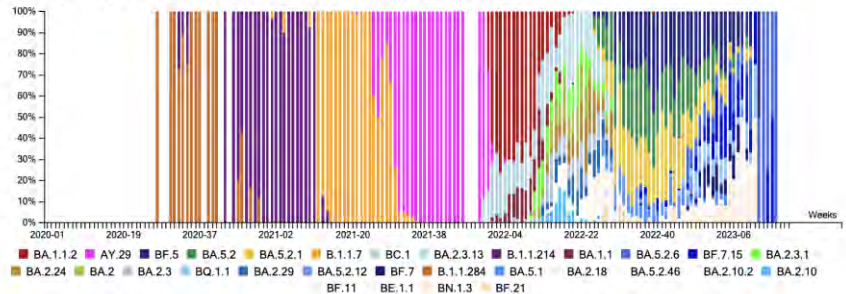
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

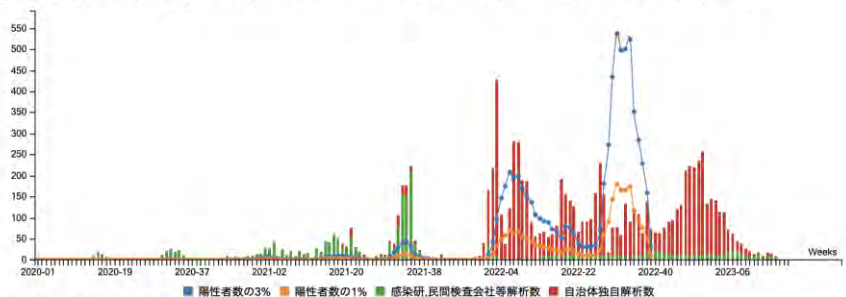
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

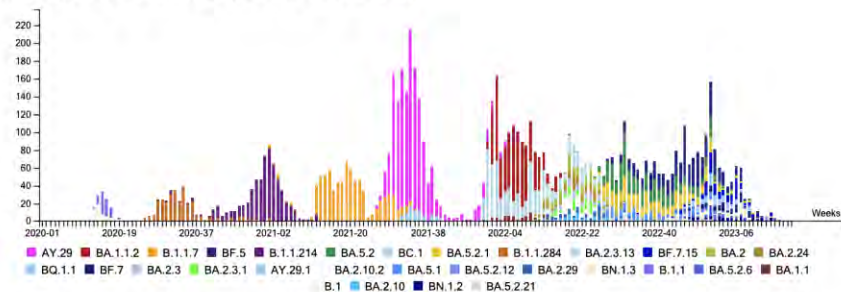


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

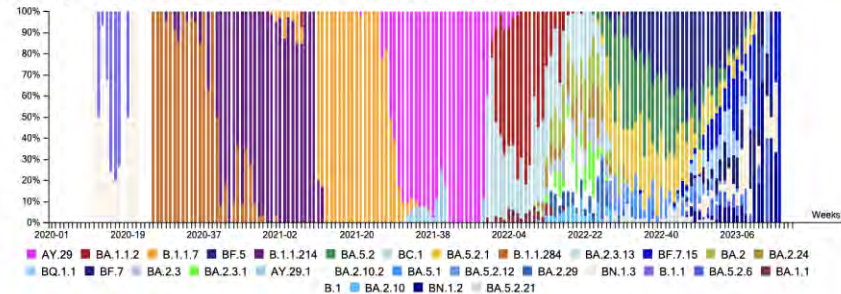
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

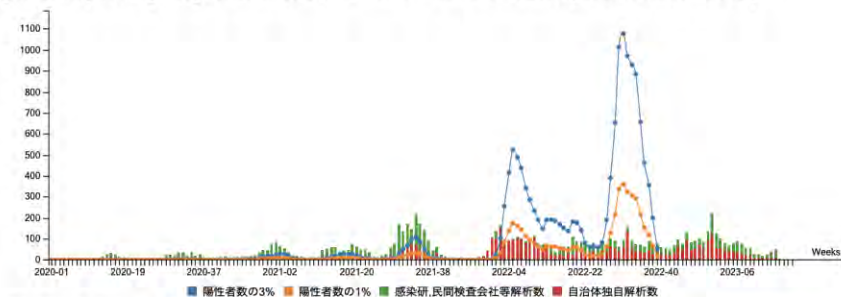
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

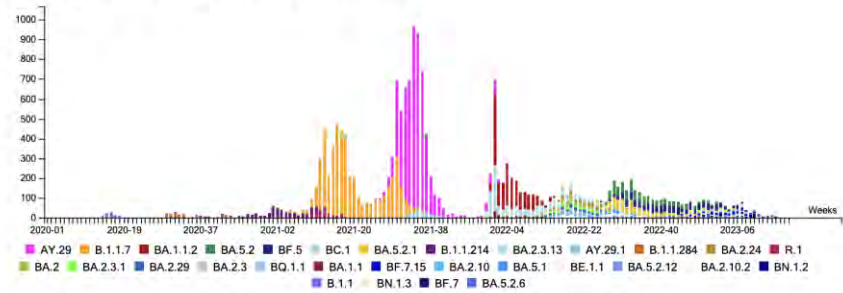


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

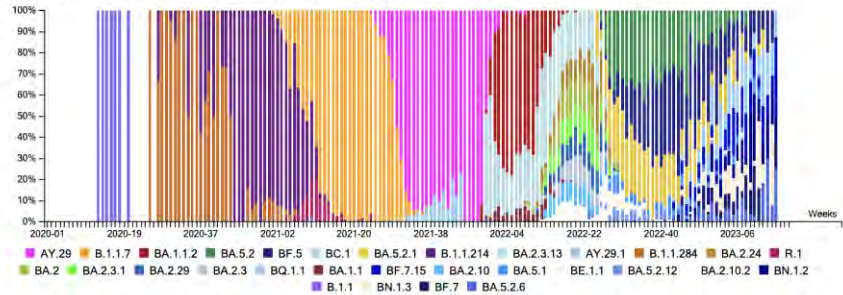
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

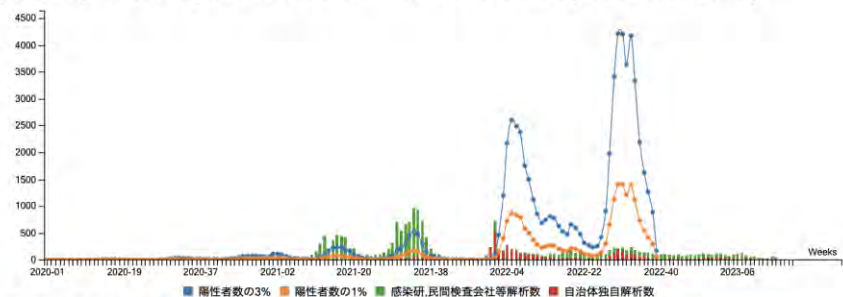
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

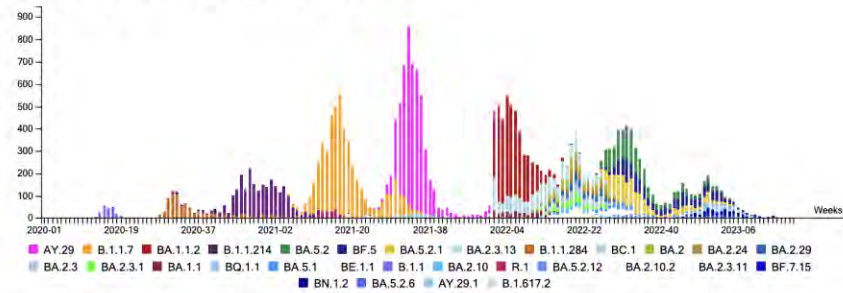


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

兵庫県

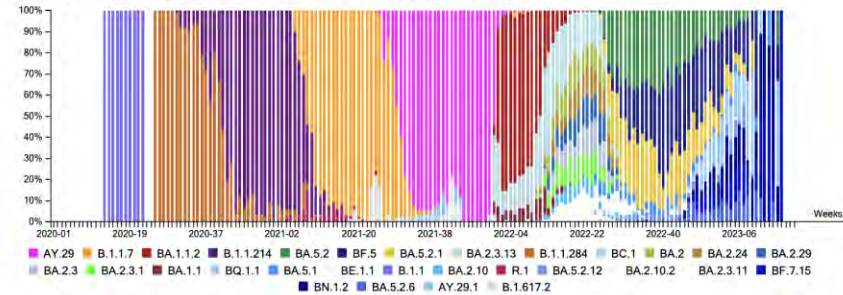
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

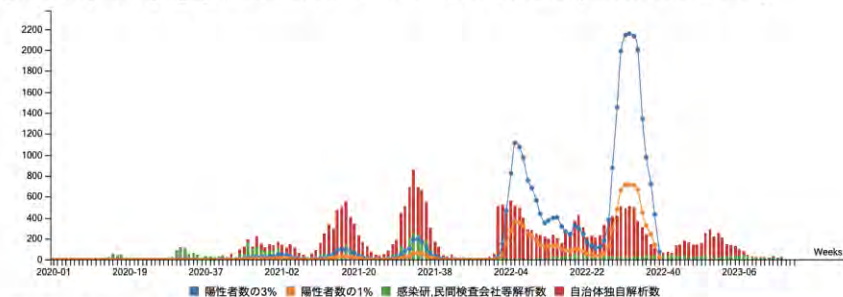
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

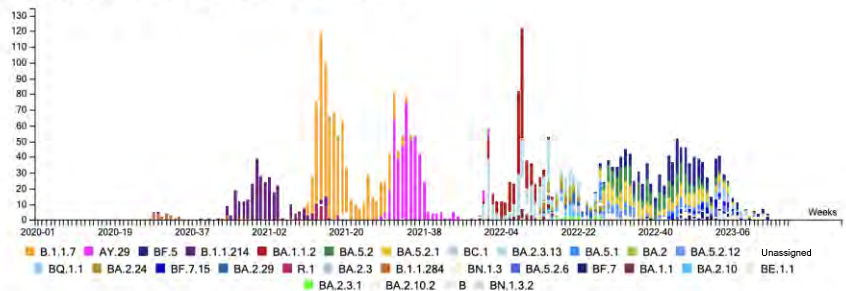


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

奈良県

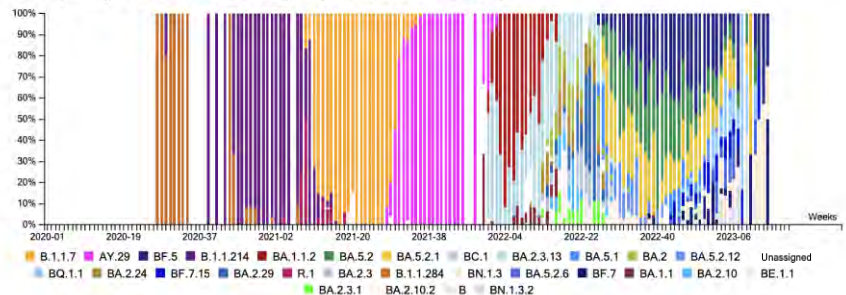
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

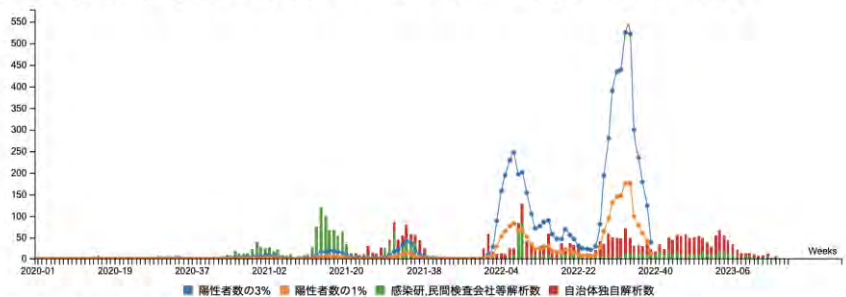
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

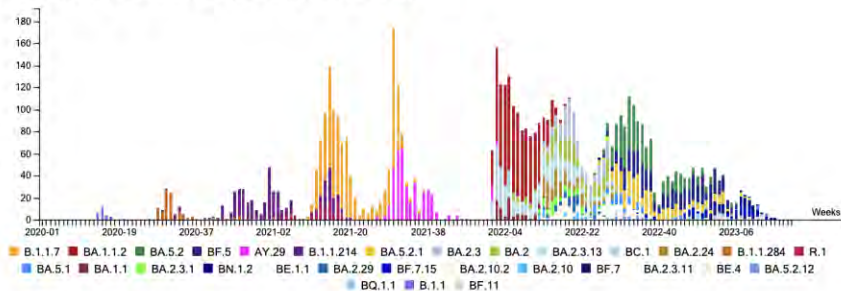


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

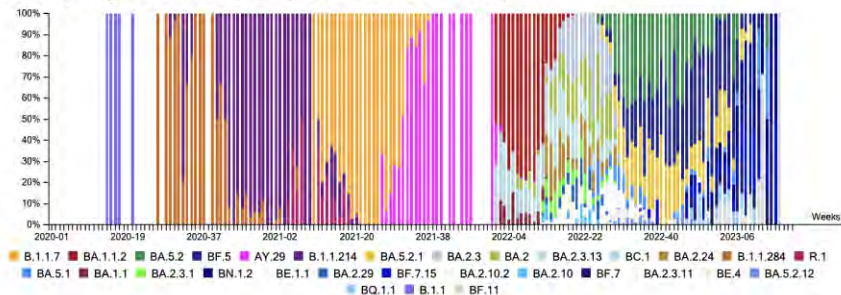
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

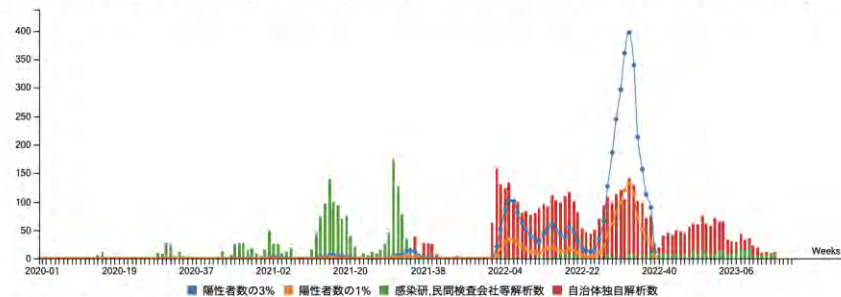
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

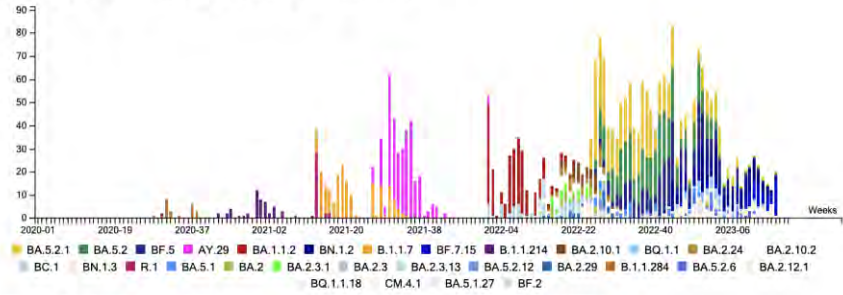


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

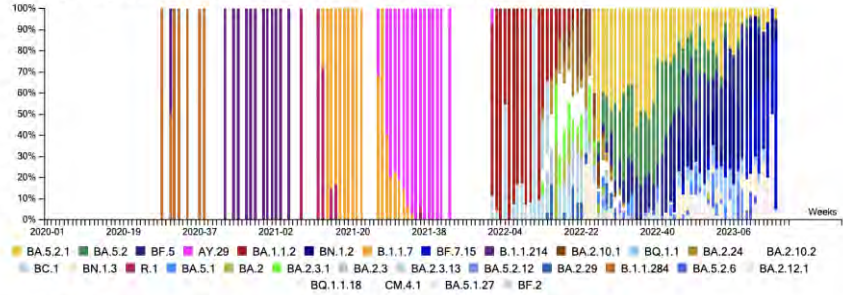
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

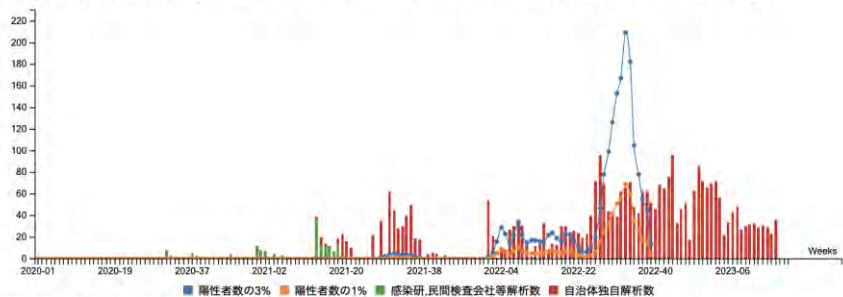
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

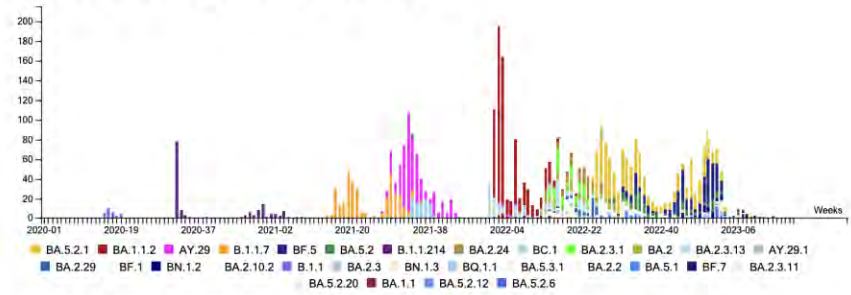


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

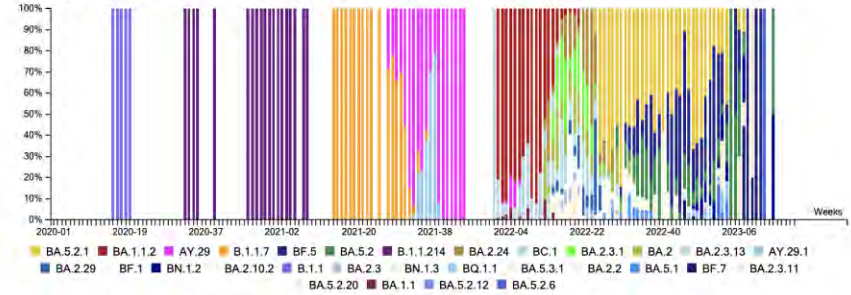
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

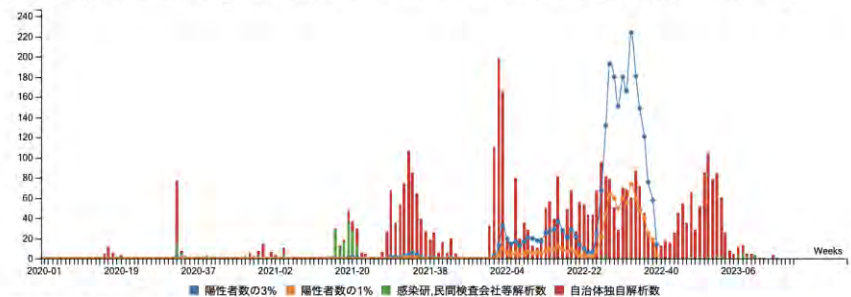
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

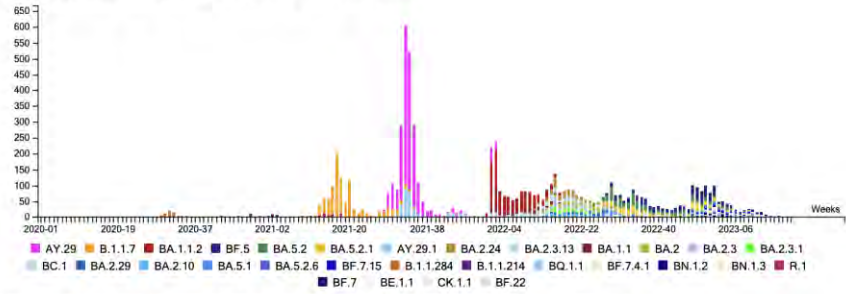


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

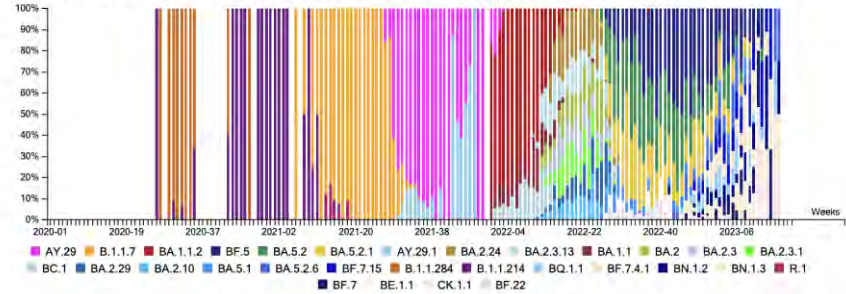
岡山県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



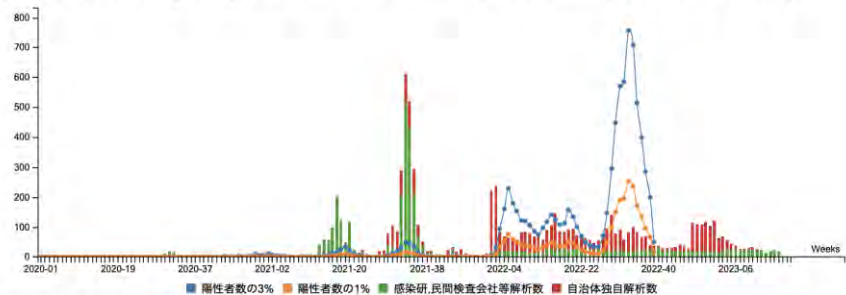
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

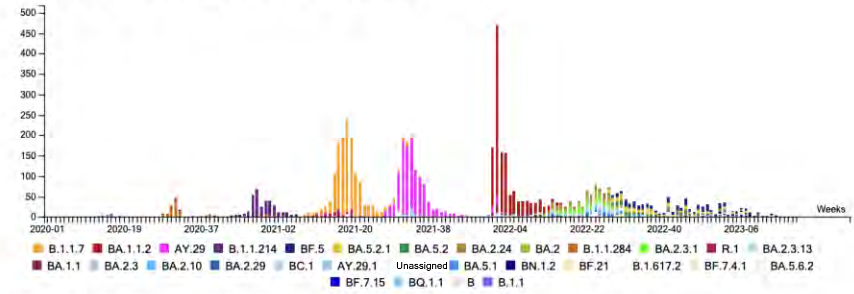
[Asia/Japan/Okayama] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

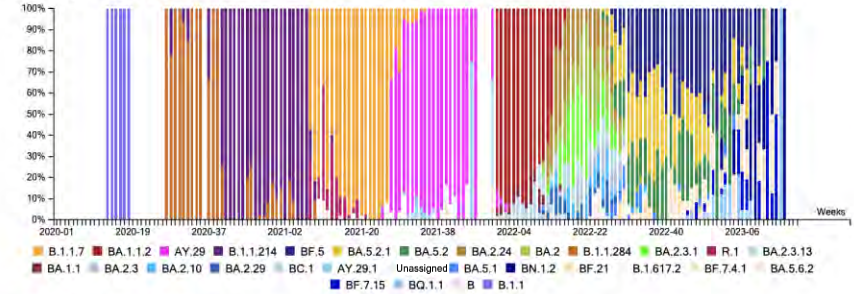
広島県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



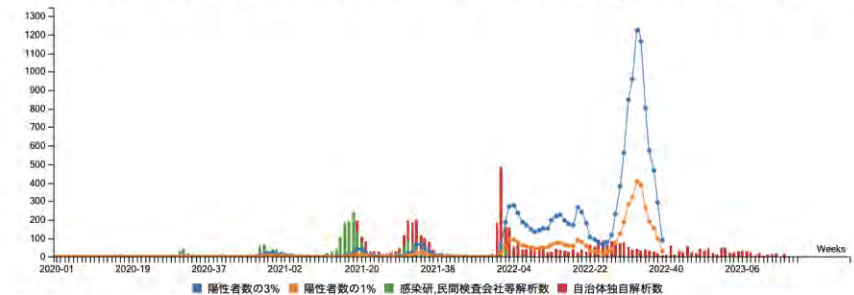
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

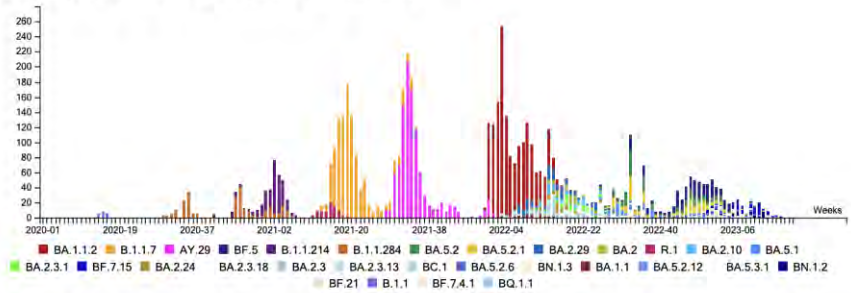
[Asia/Japan/Hiroshima] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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

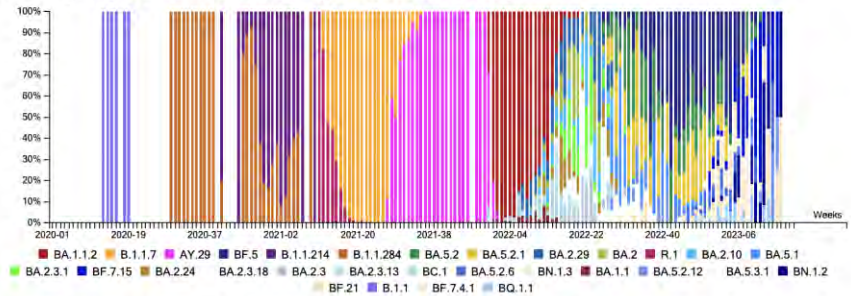
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

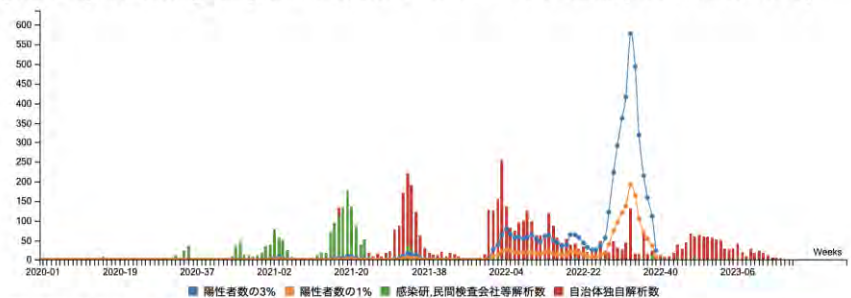
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

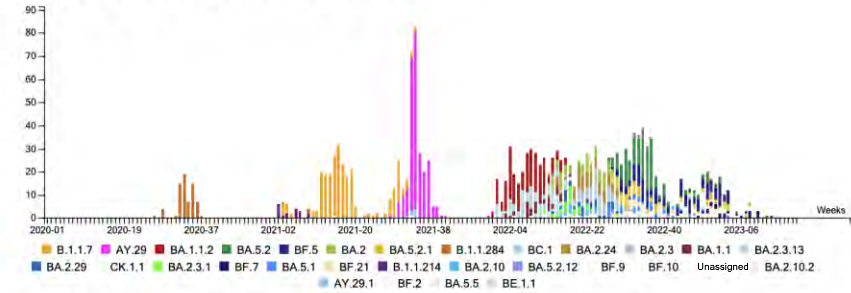


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

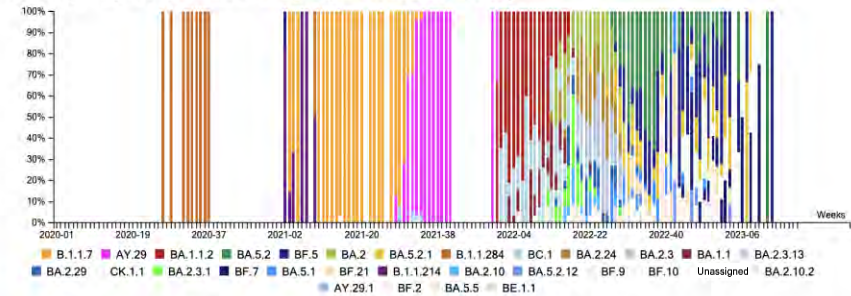
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

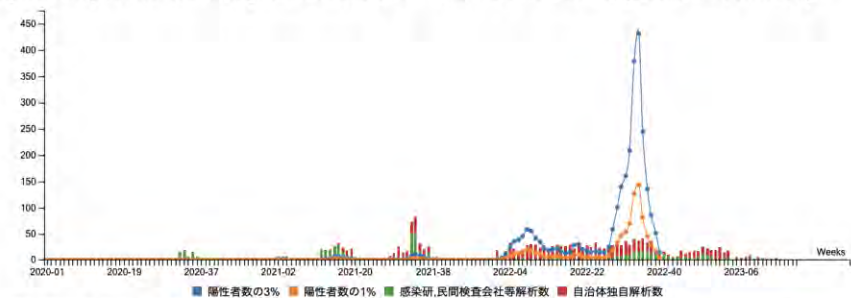
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

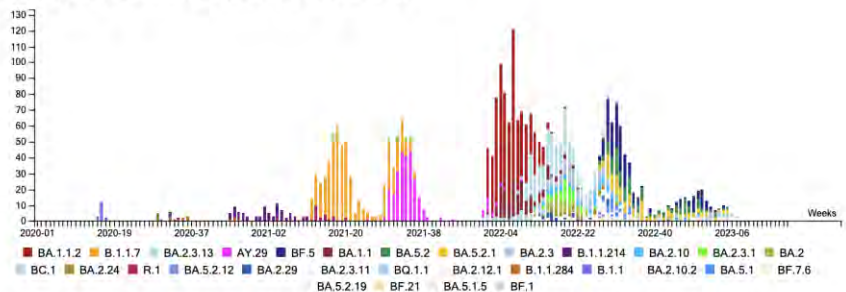


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

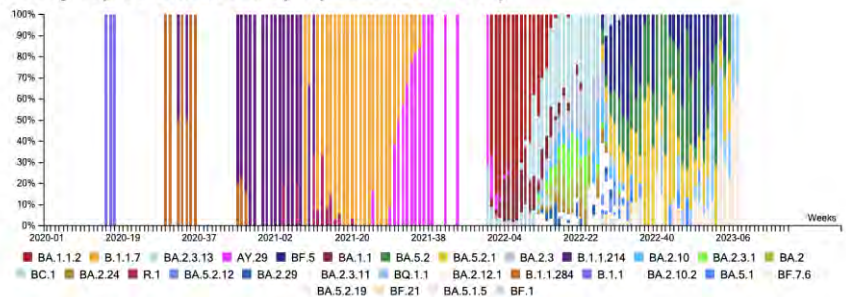
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

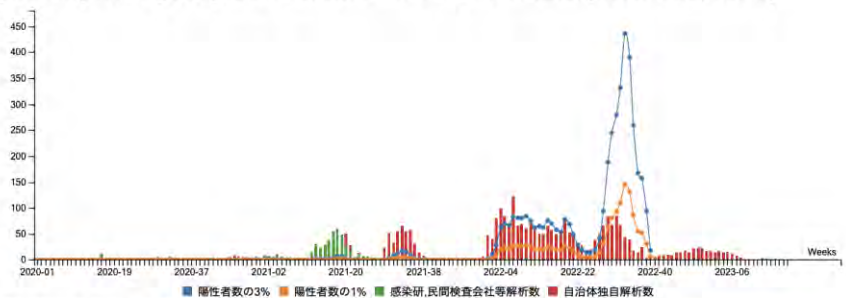
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

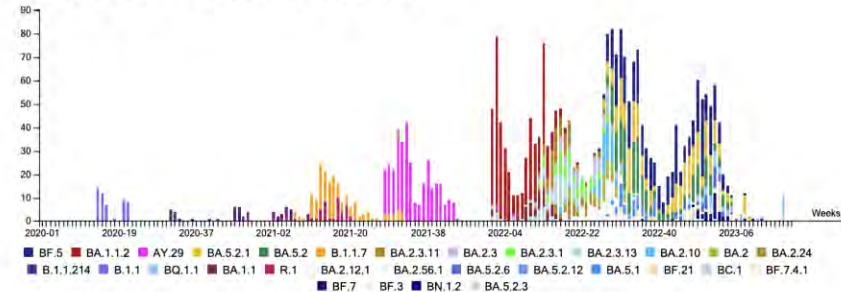


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

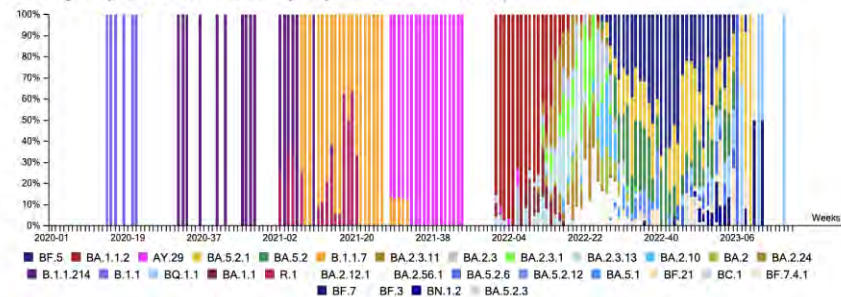
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

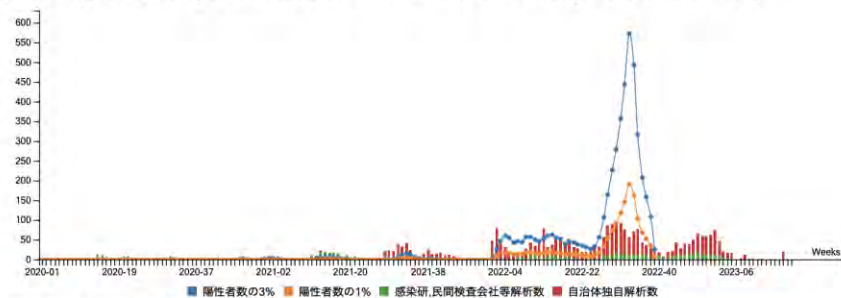
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



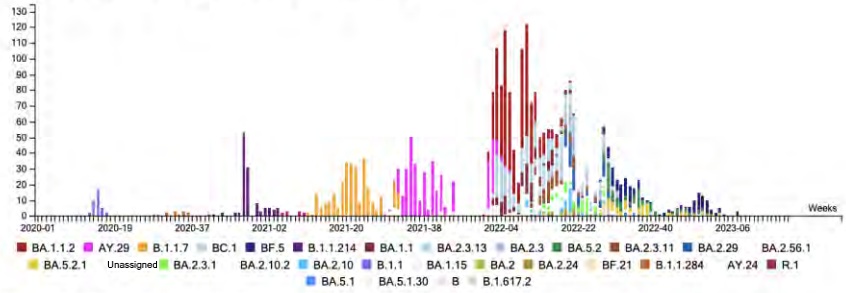
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

※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。

高知県

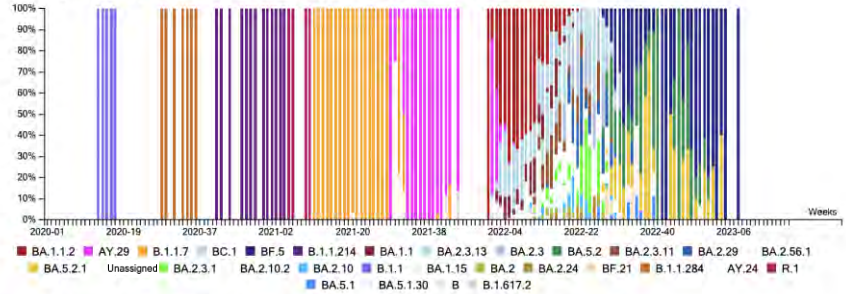
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

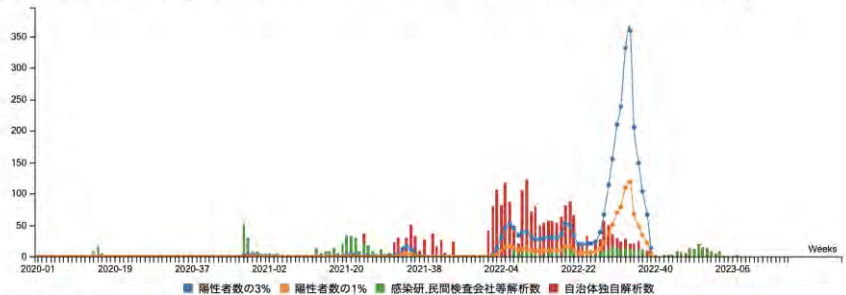
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

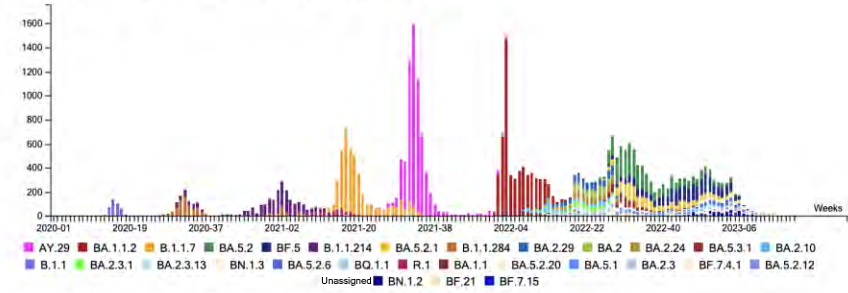


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

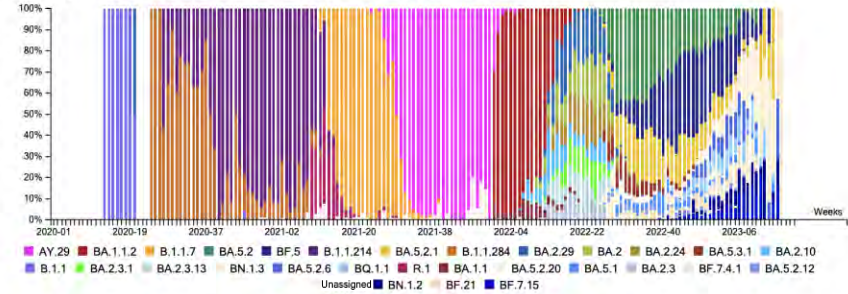
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

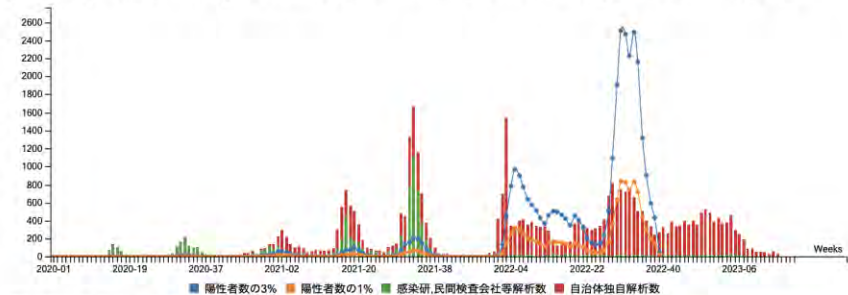
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

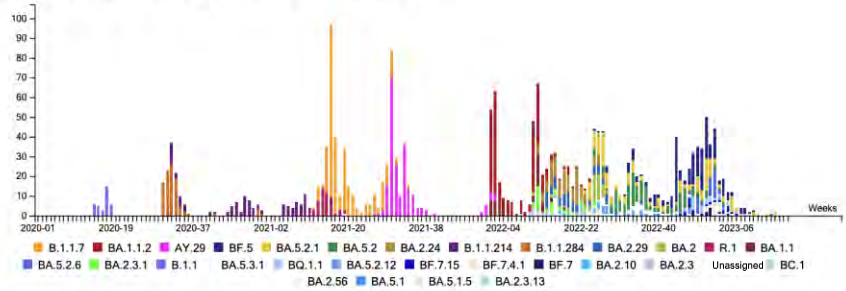


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

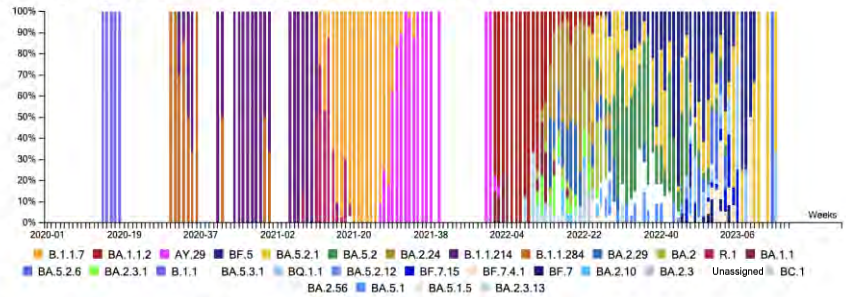
佐賀県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



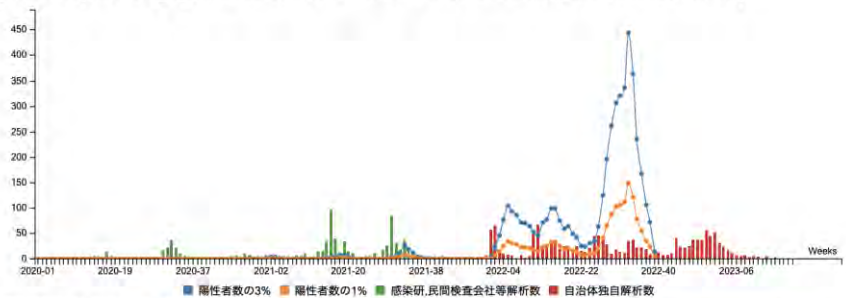
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

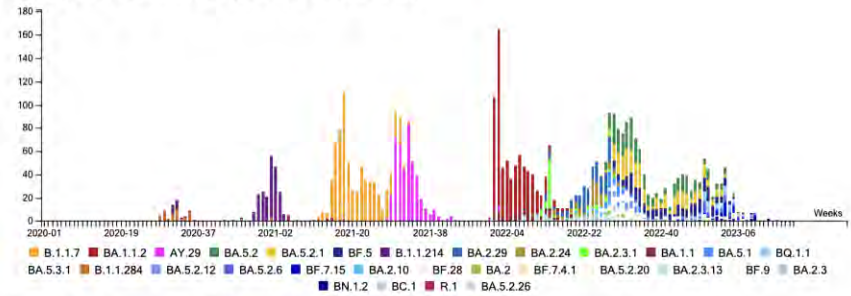
[Asia/Japan/Saga] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

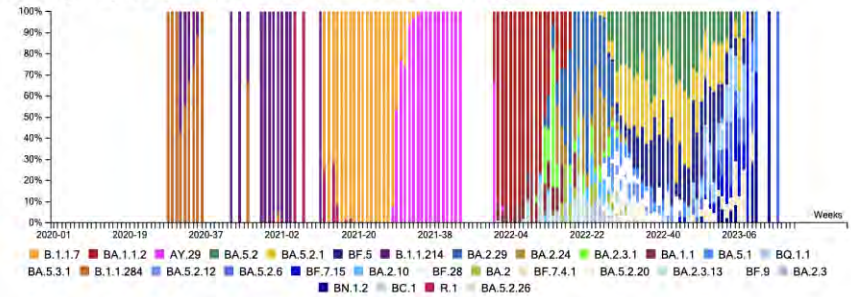
長崎県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



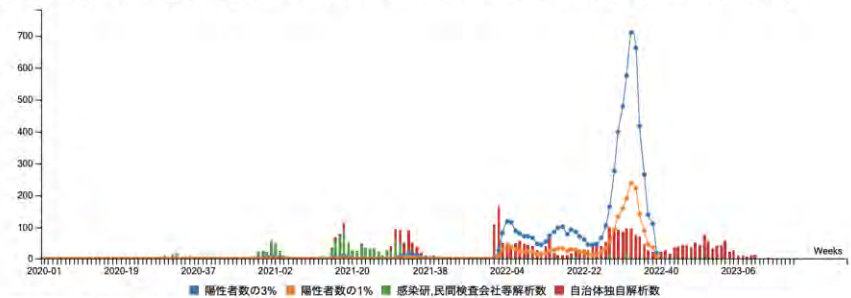
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

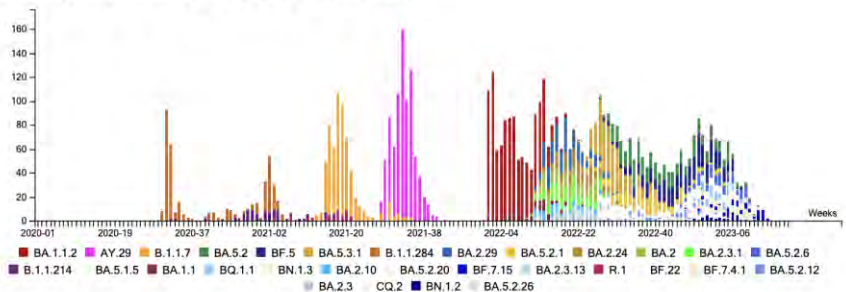
[Asia/Japan/Nagasaki] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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

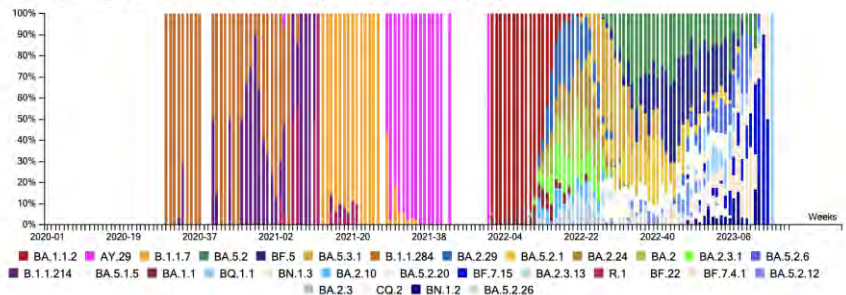
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

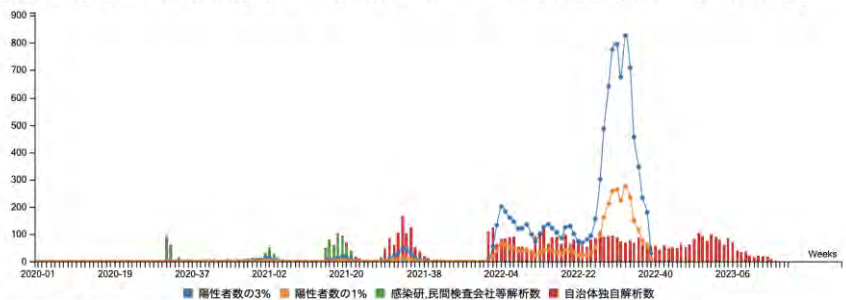
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

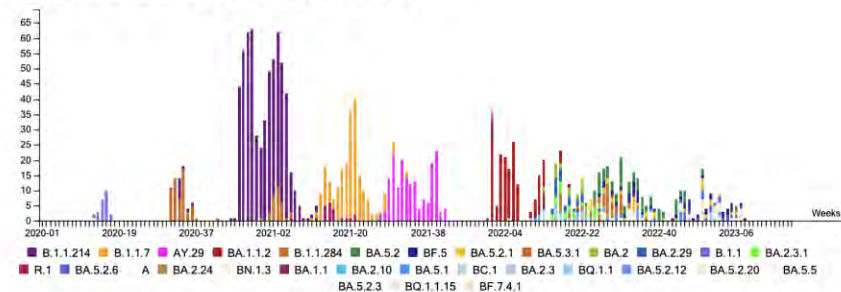


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

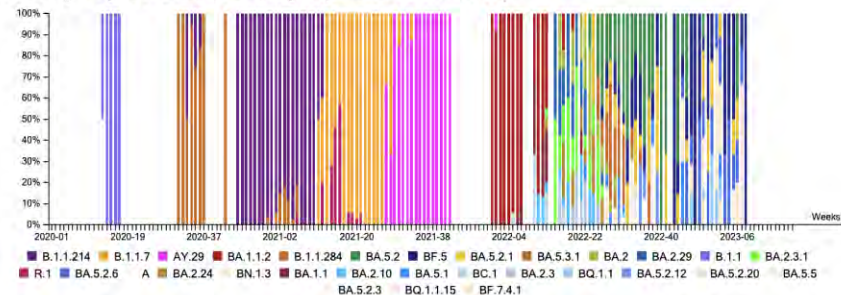
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

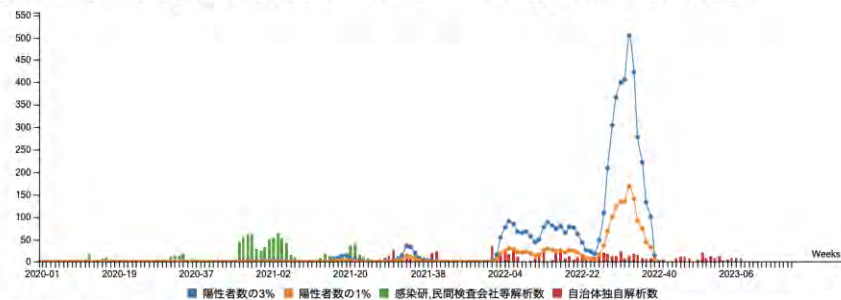
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

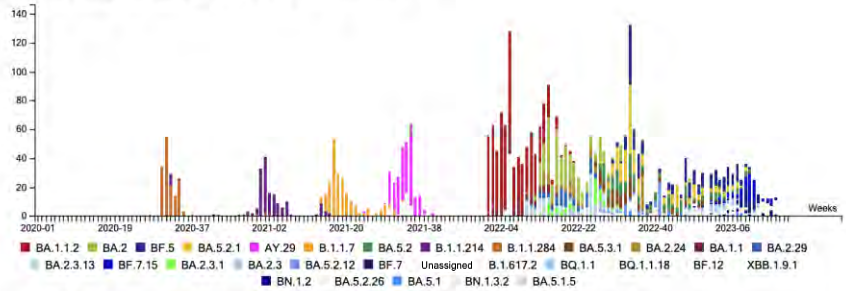


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

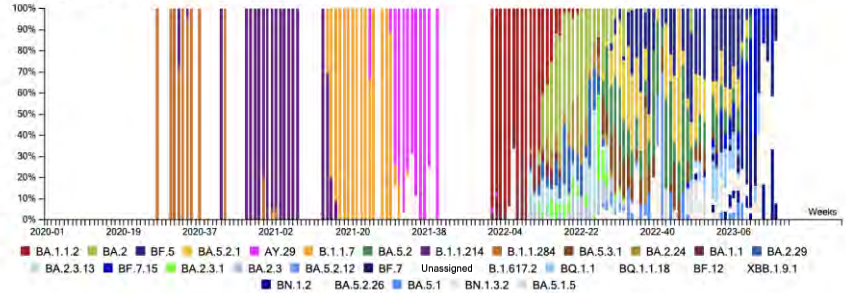
宮崎県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



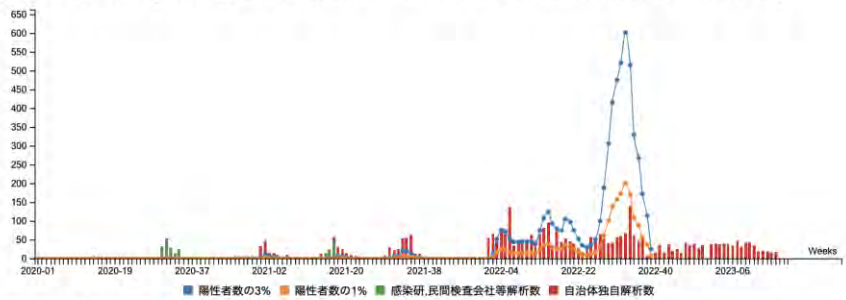
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

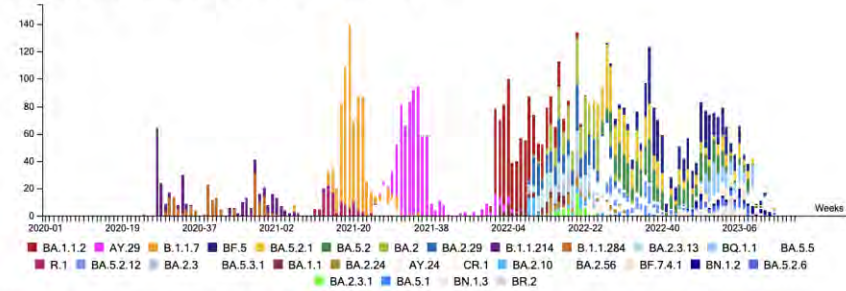
[Asia/Japan/Miyazaki] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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://www.3.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)

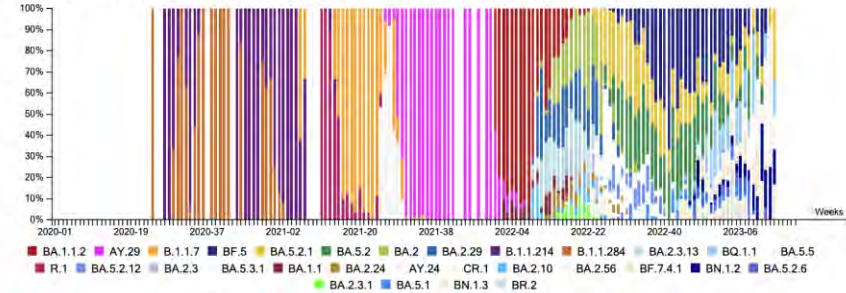
鹿児島県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



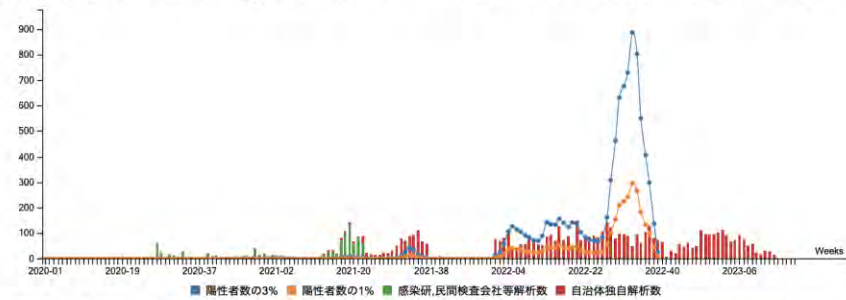
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

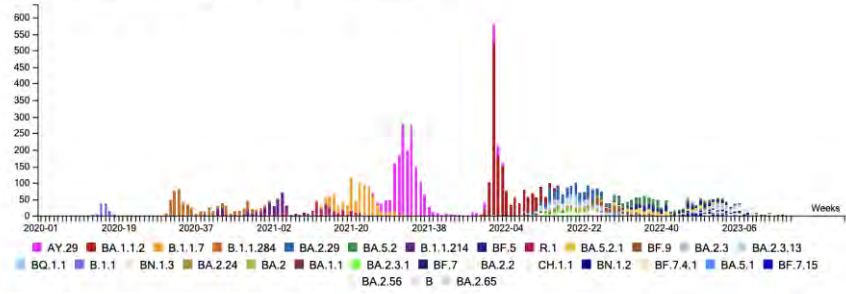
[Asia/Japan/Kagoshima] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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://www.3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>
 [ゲノム確定数の計算] 感染研での解読分、自治体での解読分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解読分の合計。
 (いずれも感染研ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

沖縄県

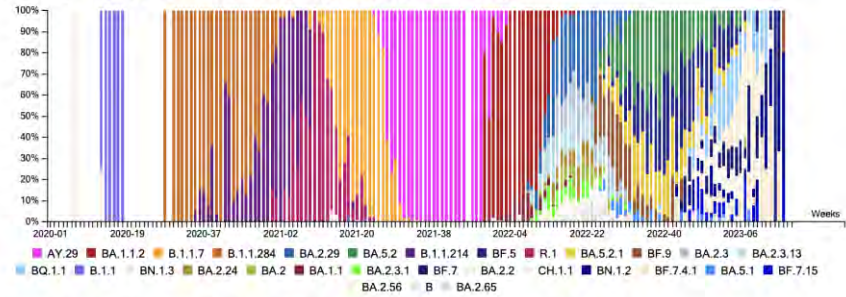
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

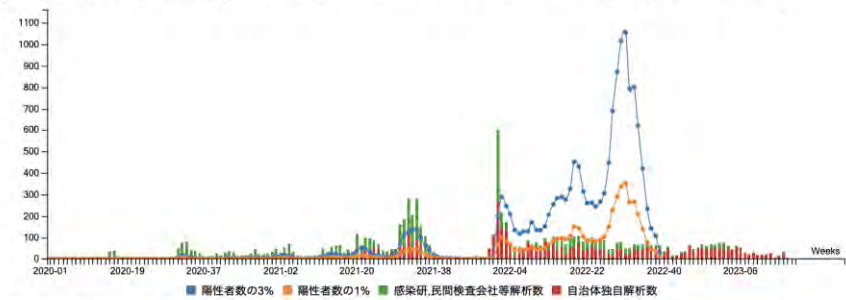
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

[Asia/Japan/Okinawa] 陽性者数の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] 感染研での解析分、自治体での解析分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解析分の合計。

(いずれも感染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。