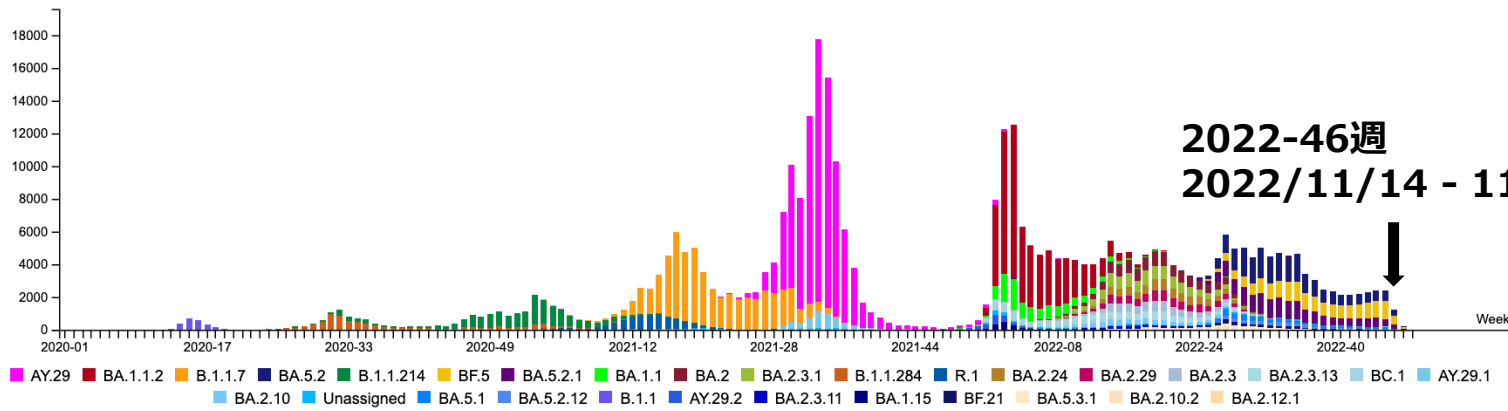


国内 新型コロナゲノムの PANGO lineage 変遷（2022/12/02 現在）

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

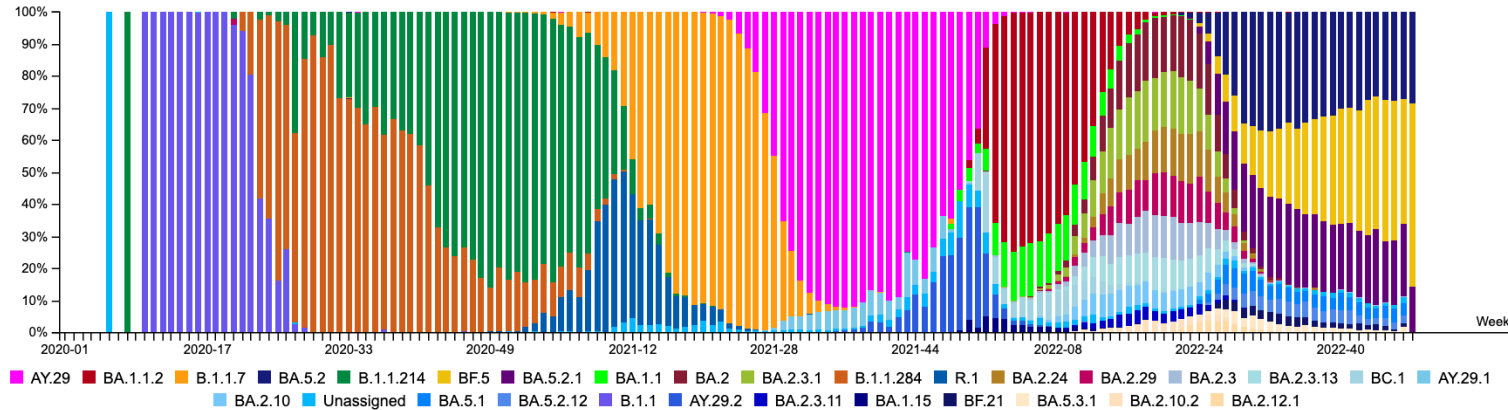


2022-46週
2022/11/14 - 11/20

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

(ウイルス量が少なくゲノム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 | 2022-46(w) | | |
|-----------|------------|------------|-----|
| BA.5.2.27 | | | 7 |
| BA.5.2.28 | | | 5 |
| BA.2.10.1 | 2 | BA.5.2.3 | 4 |
| BA.2.3.20 | 16 | BA.5.2.30 | 1 |
| BA.2.75.2 | 1 | BA.5.2.31 | 1 |
| BA.2.75.5 | 1 | BA.5.2.33 | 1 |
| BL.1 | 3 | BA.5.2.6 | 65 |
| BM.1.1 | 6 | BA.5.2.7 | 1 |
| BM.1.1.1 | 1 | BA.5.3.1 | 7 |
| BM.4.1.1 | 11 | BA.5.5 | 3 |
| BN.1 | 80 | BA.5.5.1 | 21 |
| BR.2 | 3 | BE.1.1 | 5 |
| BS.1 | 1 | BE.1.1.2 | 1 |
| BS.1.1 | 3 | BE.4 | 1 |
| CB.1 | 1 | BE.4.1 | 7 |
| BA.4.6 | 9 | BF.1 | 2 |
| BA.5 | 2 | BF.10 | 2 |
| BA.5.1 | 55 | BF.11 | 6 |
| BA.5.1.22 | 1 | BF.12 | 1 |
| BA.5.1.23 | 1 | BF.13 | 3 |
| BA.5.1.3 | 6 | BF.14 | 2 |
| BA.5.1.5 | 11 | BF.2 | 3 |
| BA.5.2 | 350 | BF.21 | 6 |
| BA.5.2.1 | 252 | BF.22 | 8 |
| BA.5.2.12 | 29 | BF.25 | 3 |
| BA.5.2.16 | 2 | BF.27 | 3 |
| BA.5.2.18 | 4 | BF.28 | 4 |
| BA.5.2.19 | 1 | BF.4 | 1 |
| BA.5.2.2 | 1 | BF.5 | 554 |
| BA.5.2.20 | 10 | BF.7 | 53 |
| BA.5.2.21 | 4 | BQ.1 | 8 |
| BA.5.2.22 | 1 | BQ.1.1 | 93 |
| BA.5.2.24 | 4 | BQ.1.2 | 2 |
| BA.5.2.26 | 12 | BT.1 | 1 |
| | | XBB.1 | 7 |
| | | Unassigned | 13 |

46週の時点でBA.1 0%、BA.2 7.3%、BA.4 0.5%、BA.5 91.1%、デルタ株 0%、それ以外 1.1%であった。
※それぞれの下位系統を含む

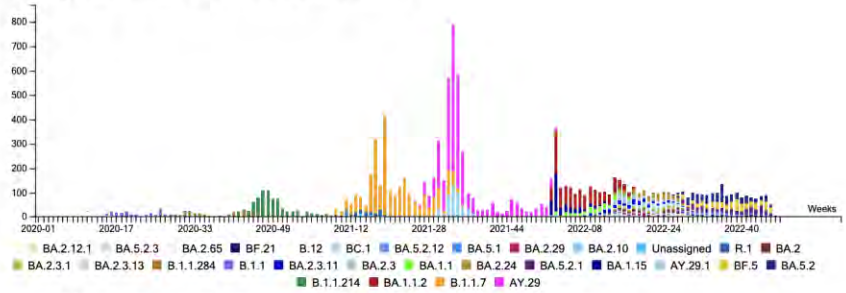
※その他の株は
検出されていない。

※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

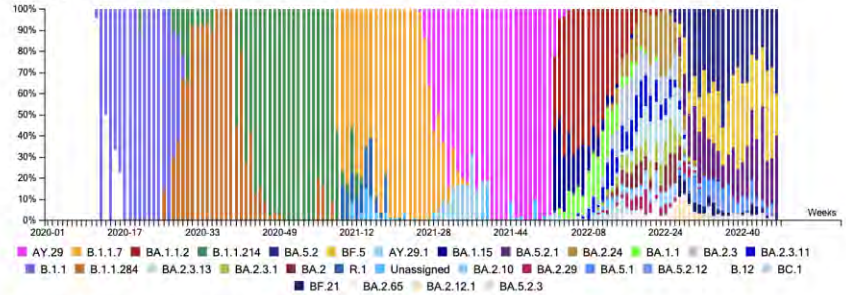
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

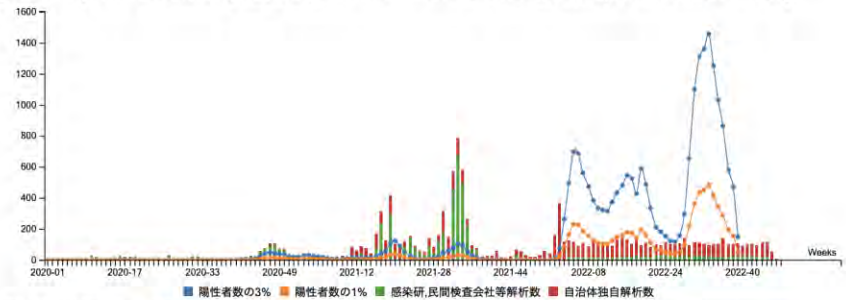
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

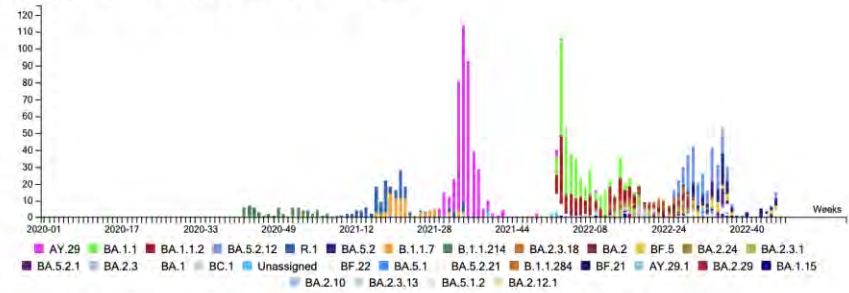


[陽性者数の計算について (集計元) 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>]

[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

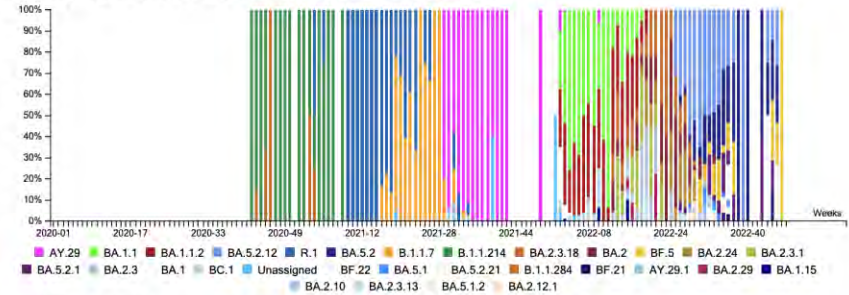
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

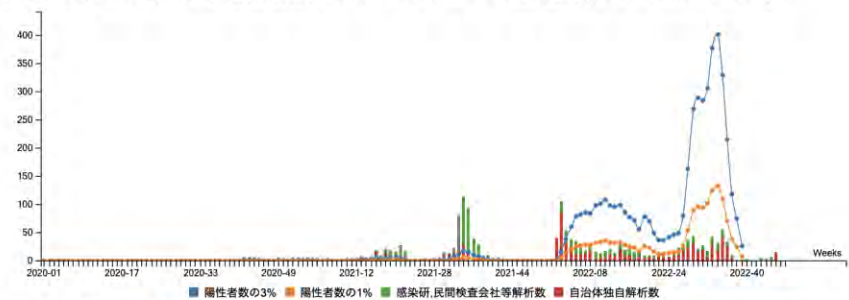
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

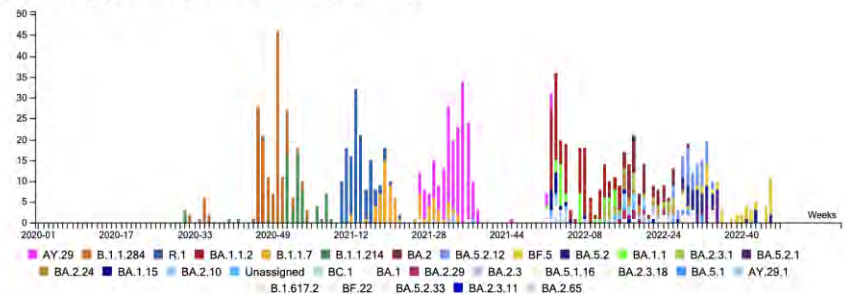


[陽性者数の計算について (集計元) 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>]

[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

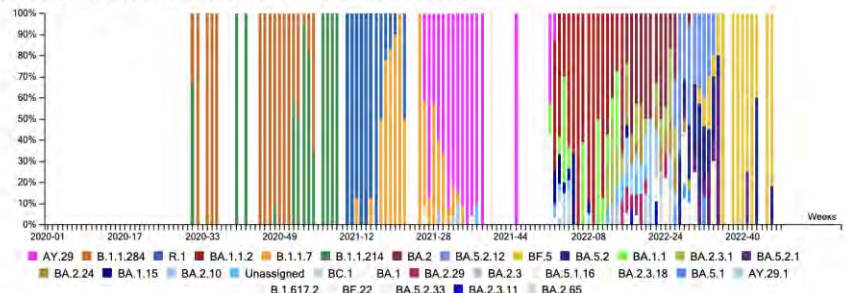
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

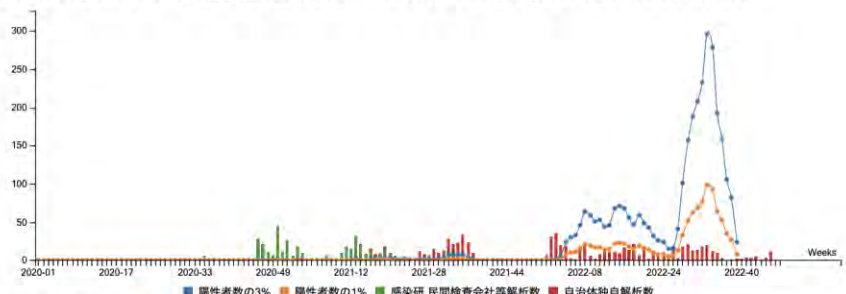
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

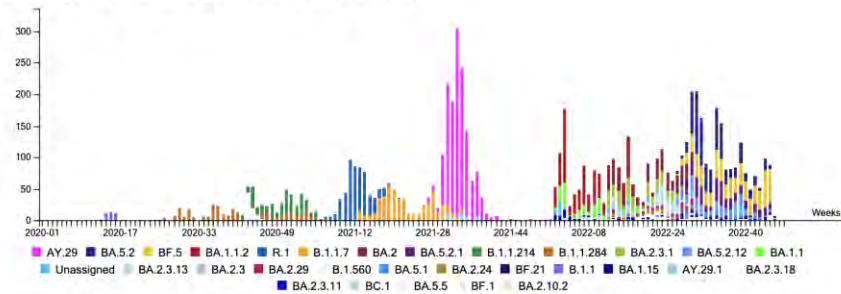


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

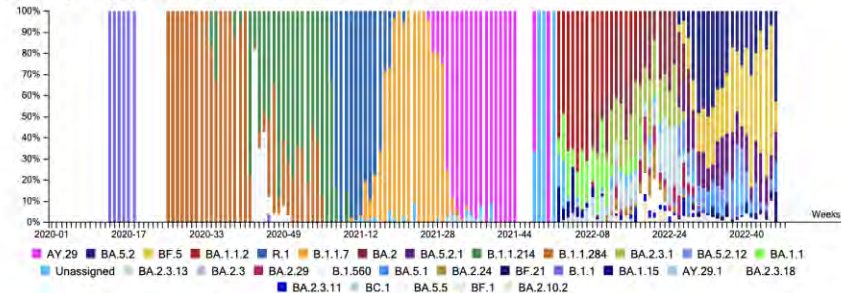
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

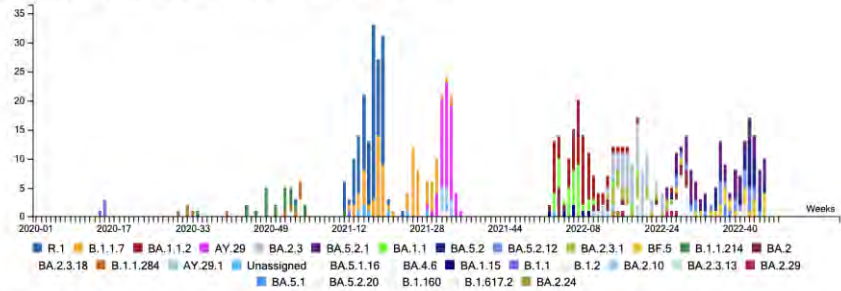


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

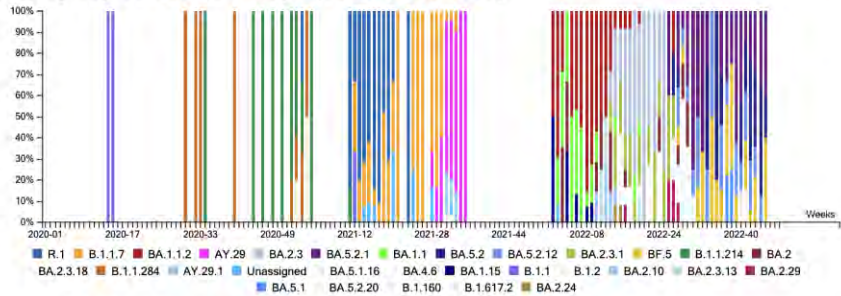
秋田県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



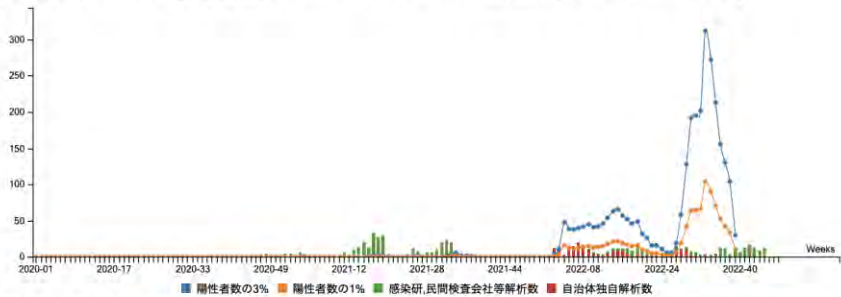
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

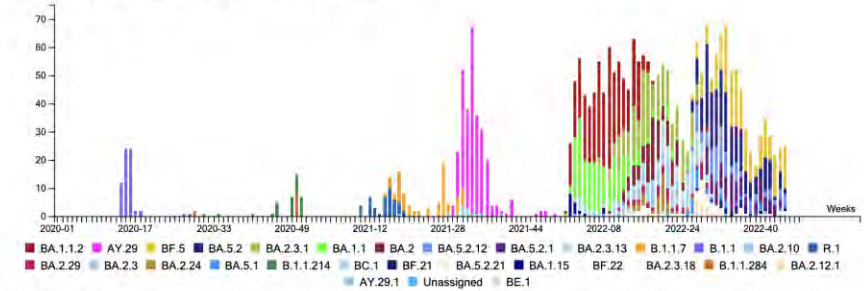


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

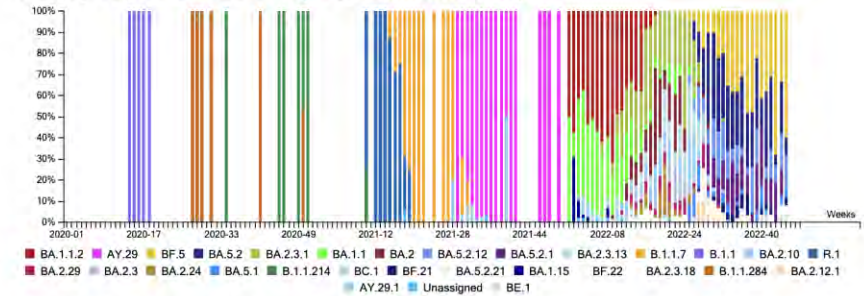
山形県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



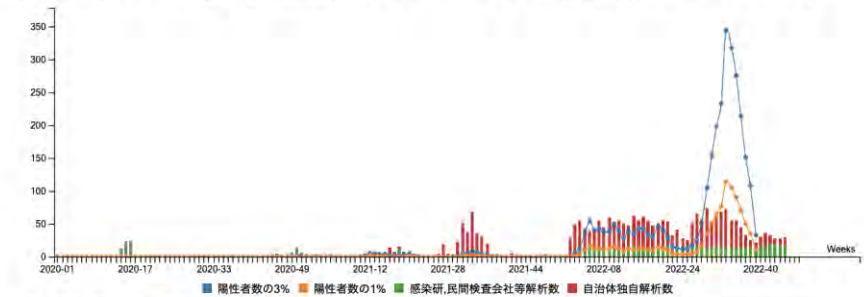
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

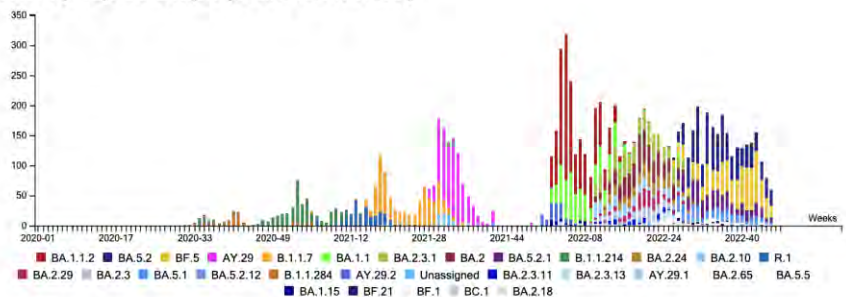


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

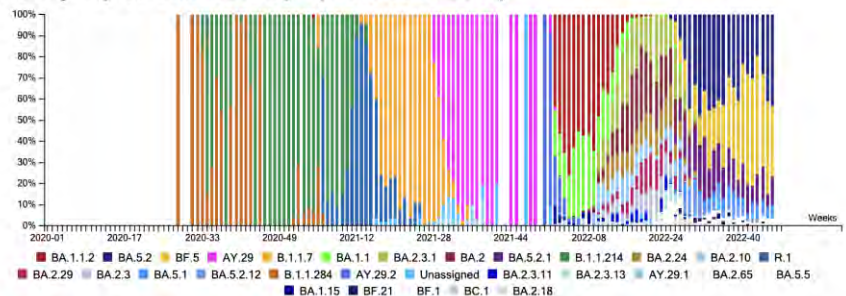
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

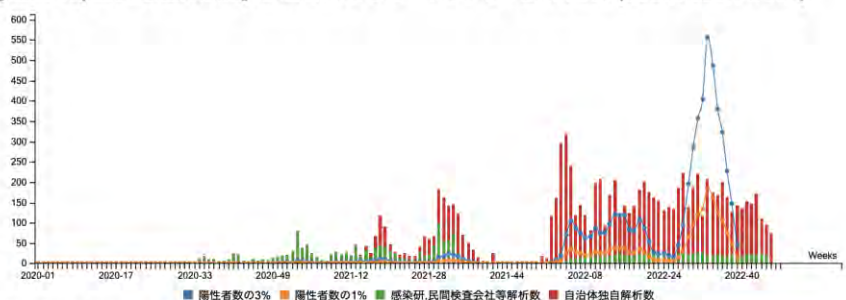
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

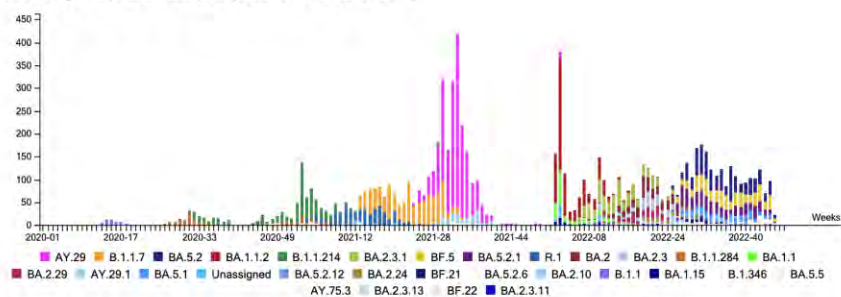


[陽性者数の計算について (集計元) 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>]

[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

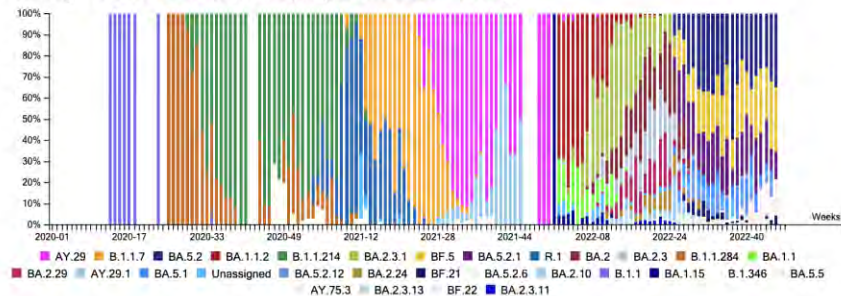
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

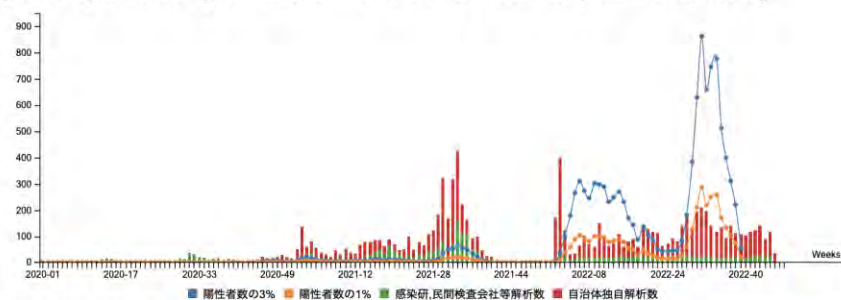
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

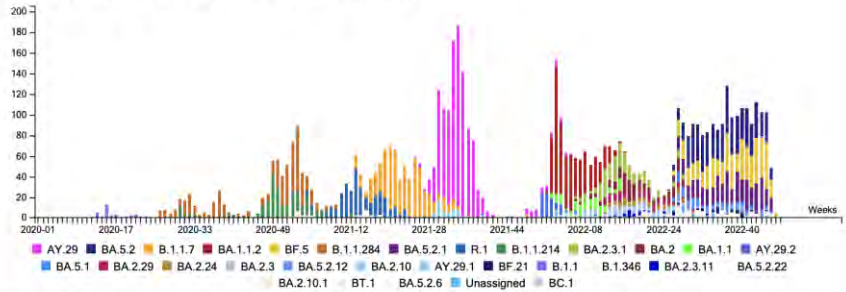


[陽性者数の計算について (集計元) 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>]

[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)

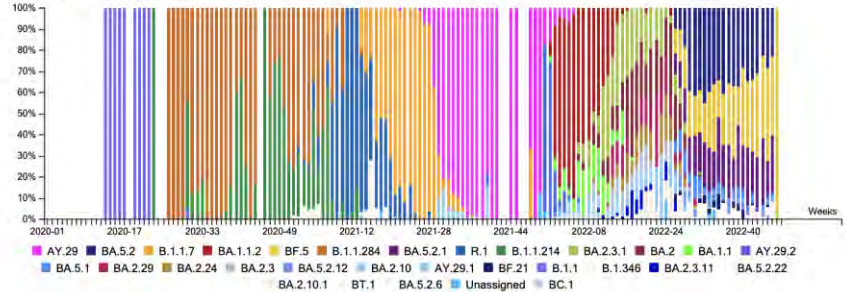
栃木県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



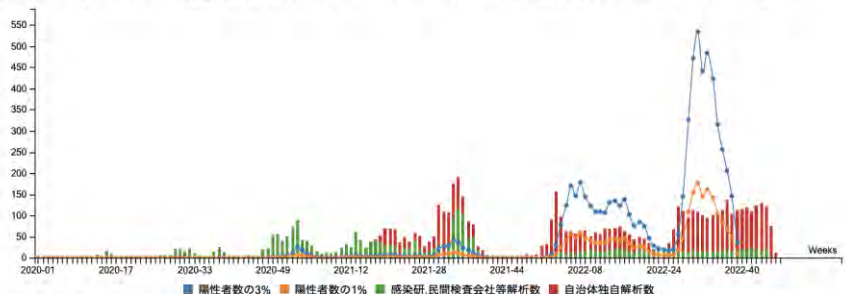
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

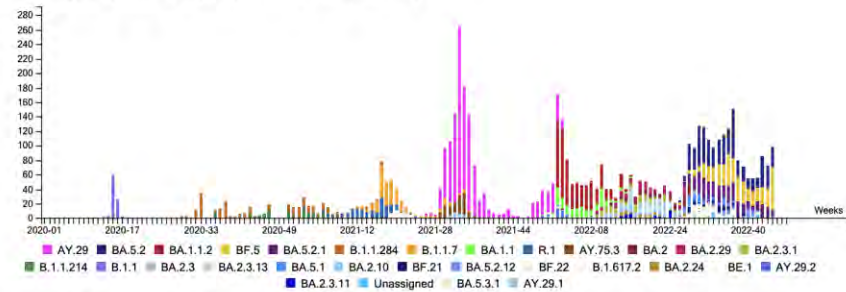
[Asia/Japan/Tochigi] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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/dats/>
 [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)

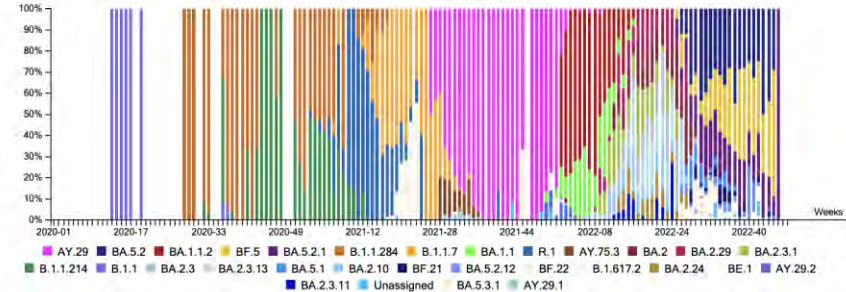
群馬県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



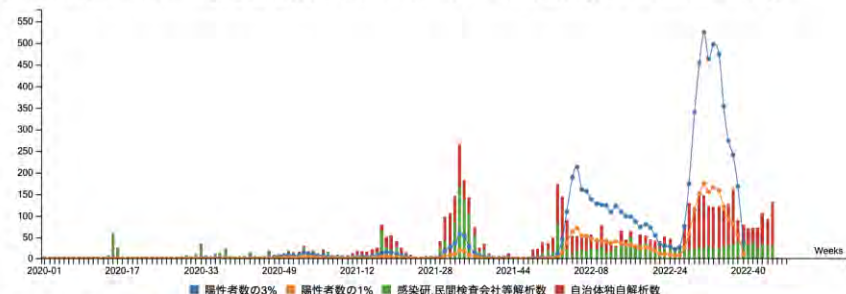
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

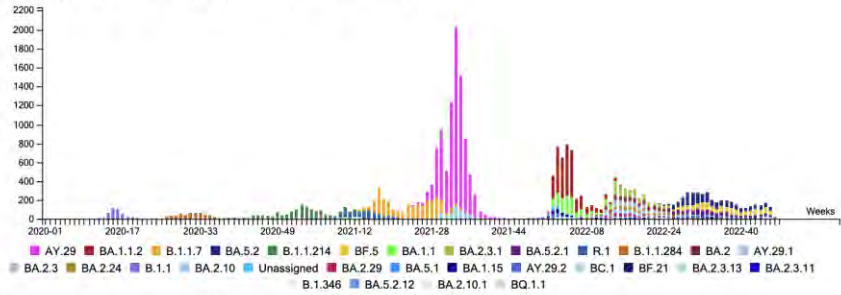
[Asia/Japan/Gunma] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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/dats/>
 [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)

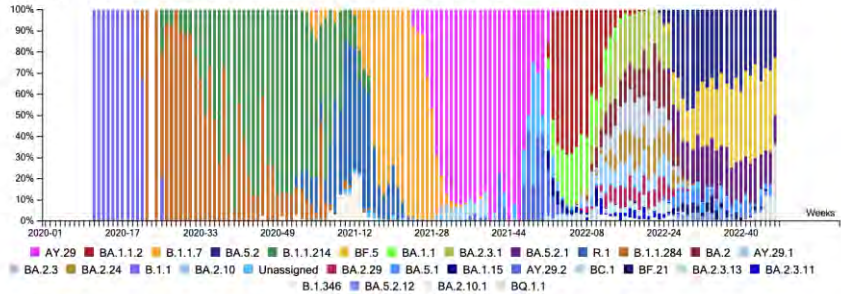
埼玉県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



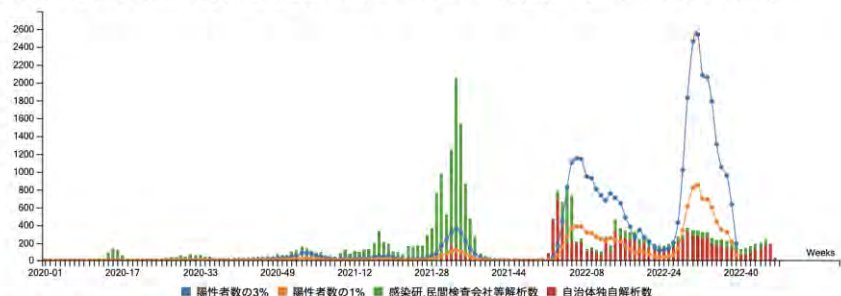
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

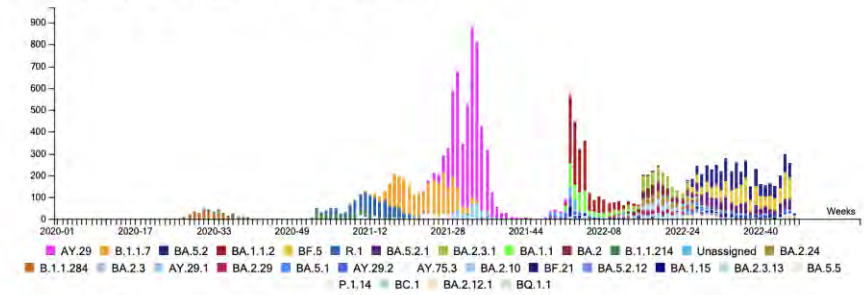
[Asia/Japan/Saitama] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

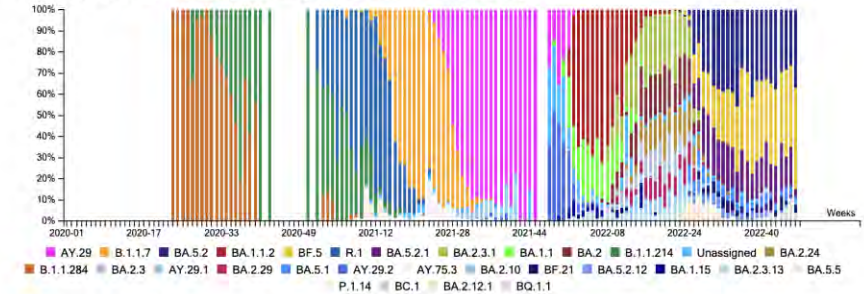
千葉県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



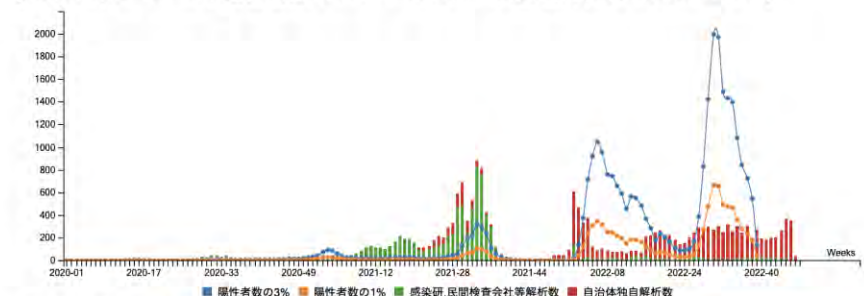
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

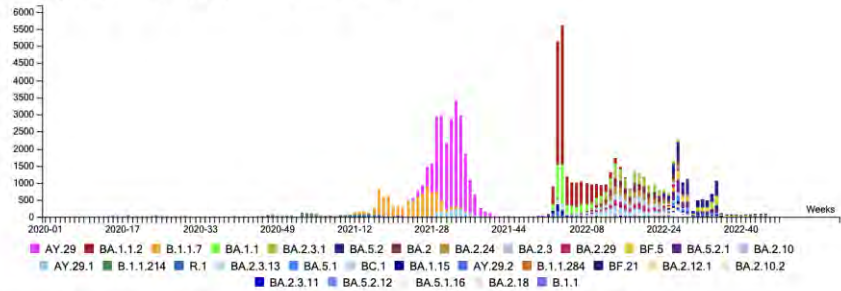
[Asia/Japan/Chiba] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

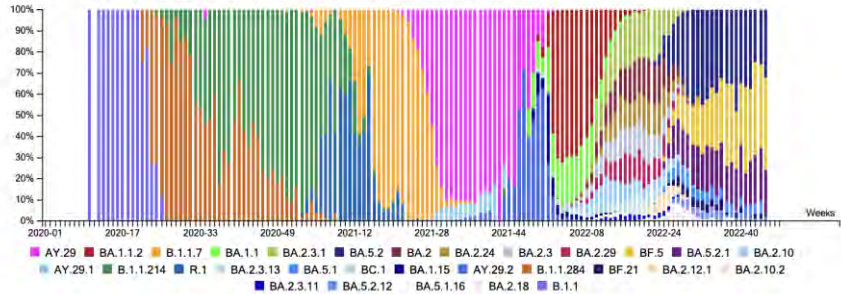
東京都

Weekly Top 30 Graph (count each week)



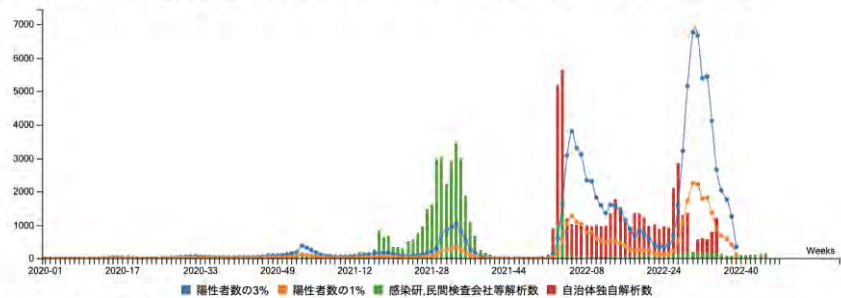
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

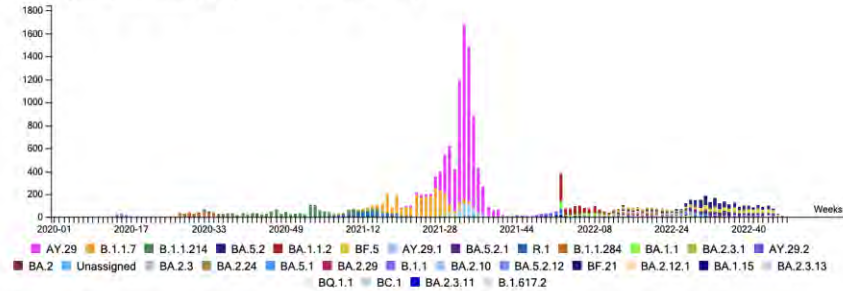
[Asia/Japan/Tokyo] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

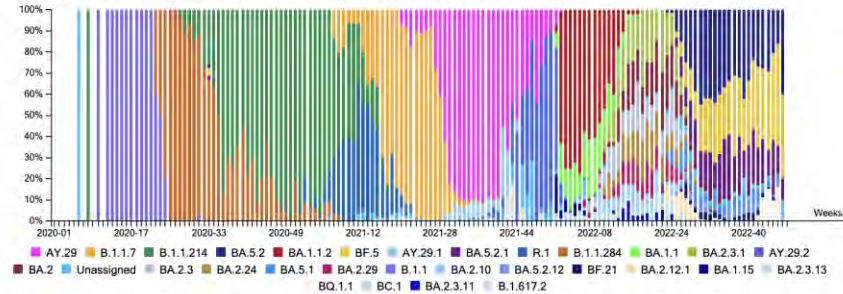
神奈川県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



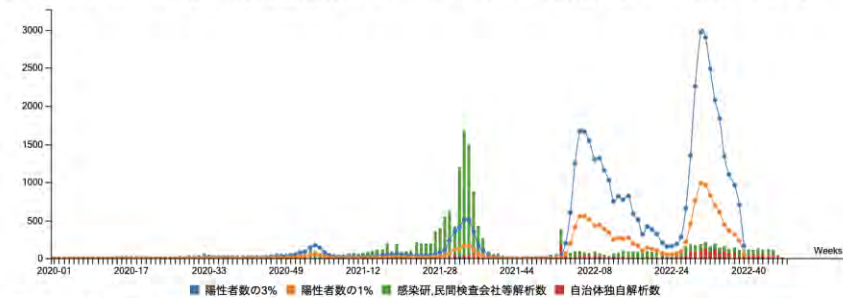
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

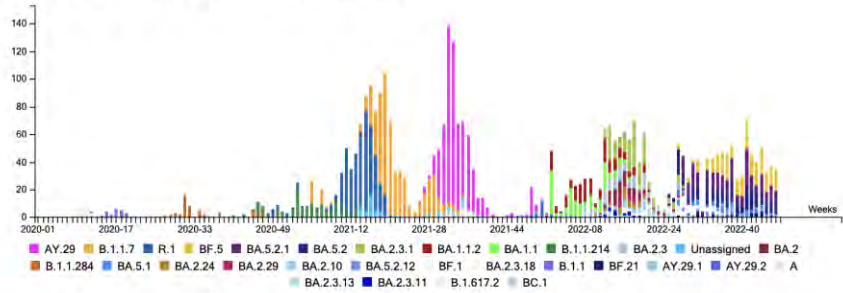
[Asia/Japan/Kanagawa] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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

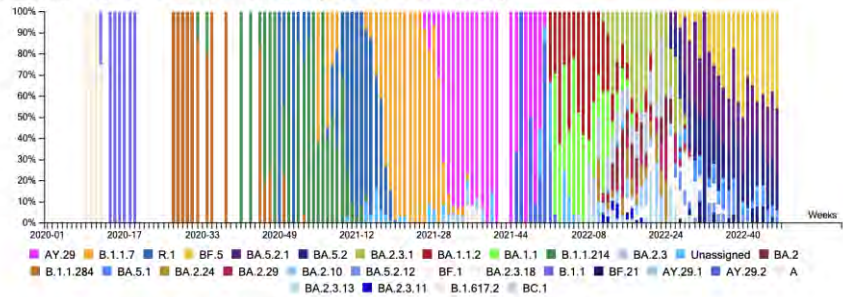
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

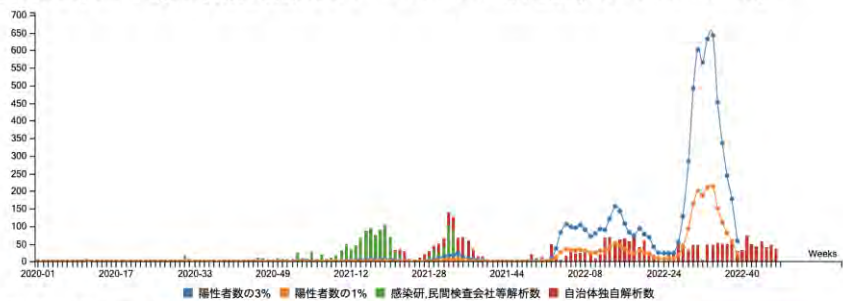
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

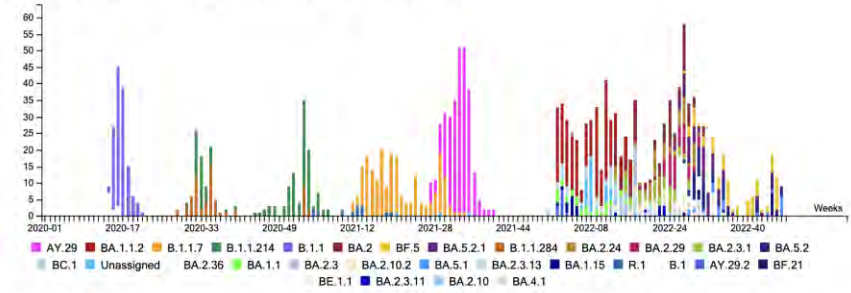


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www.3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

富山県

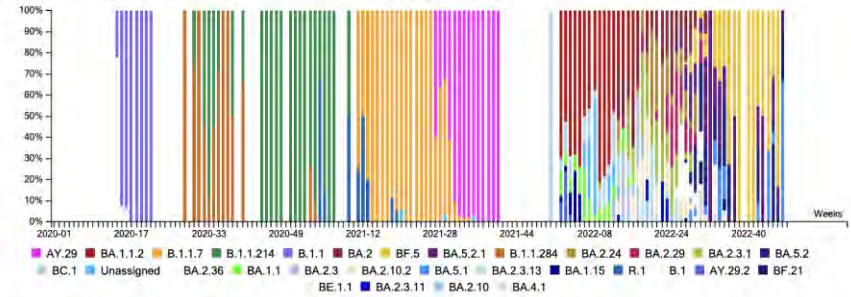
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

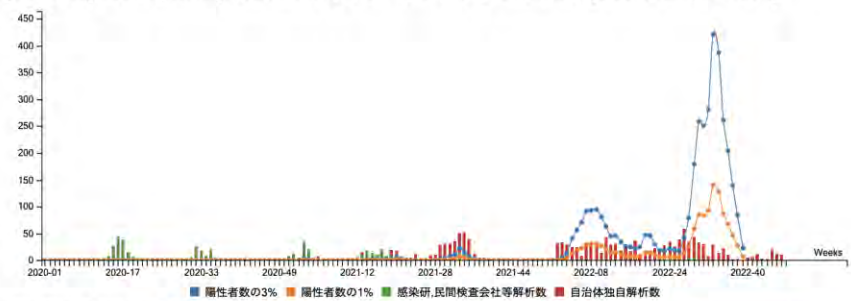
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

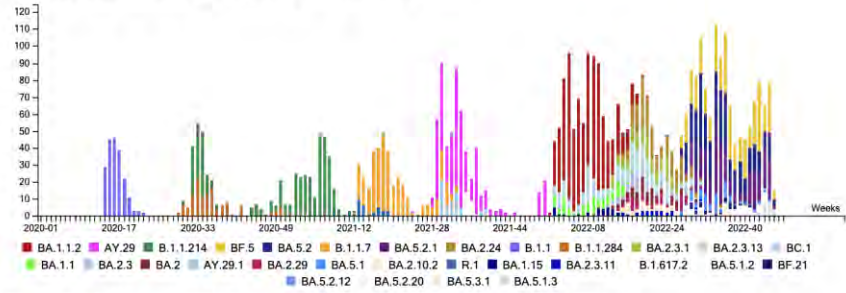


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www.3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

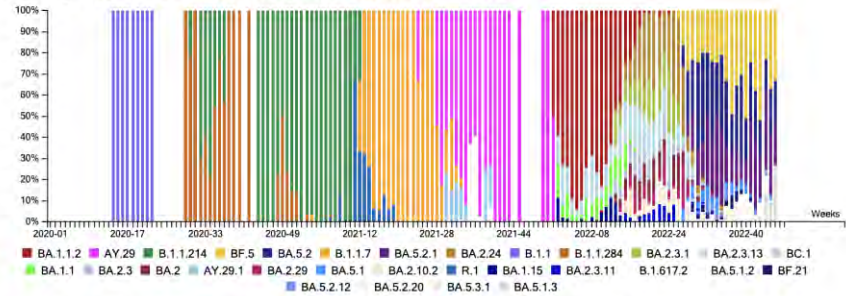
石川県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



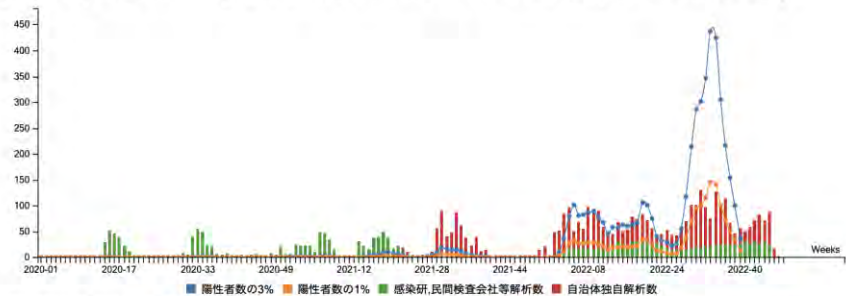
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

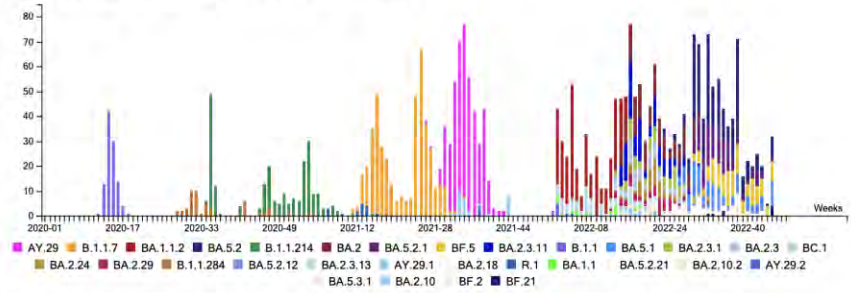
[Asia/Japan/Ishikawa] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

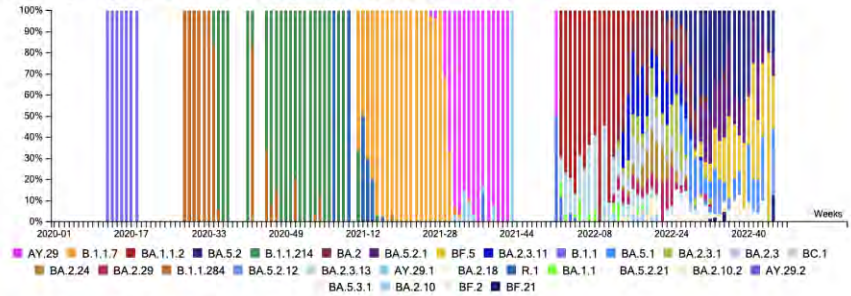
福井県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



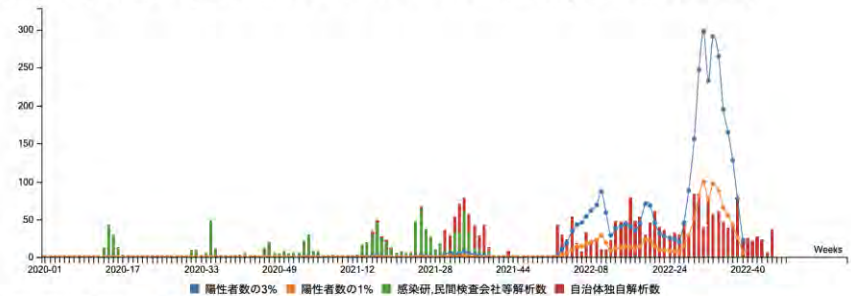
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

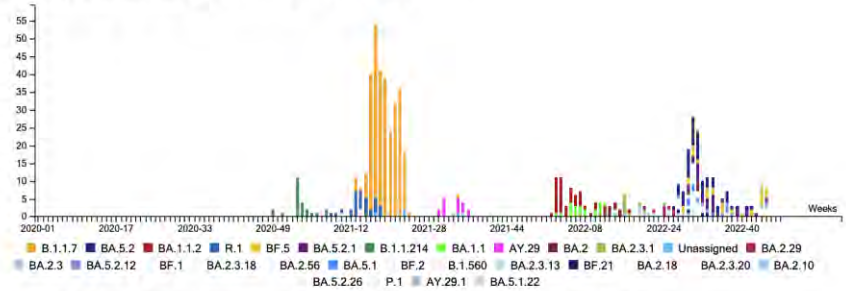
[Asia/Japan/Fukui] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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

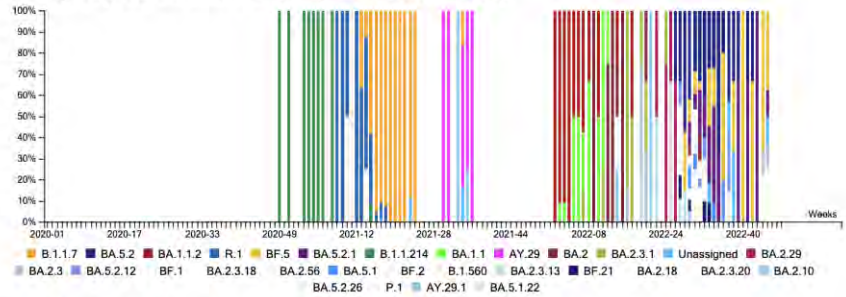
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

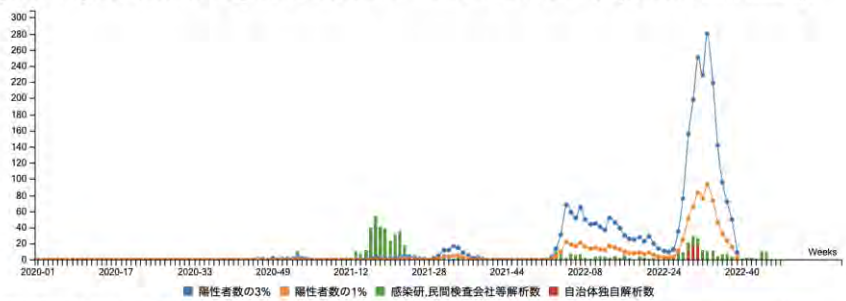
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

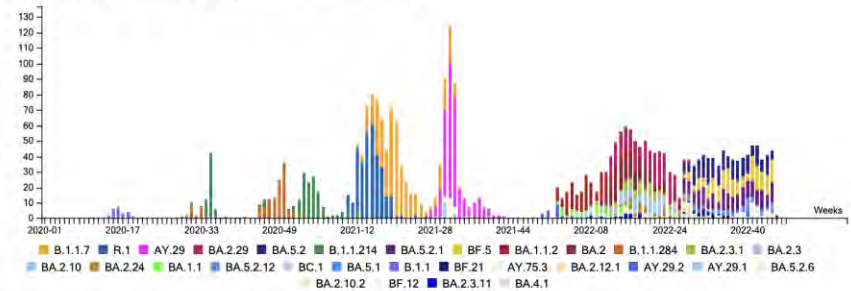


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

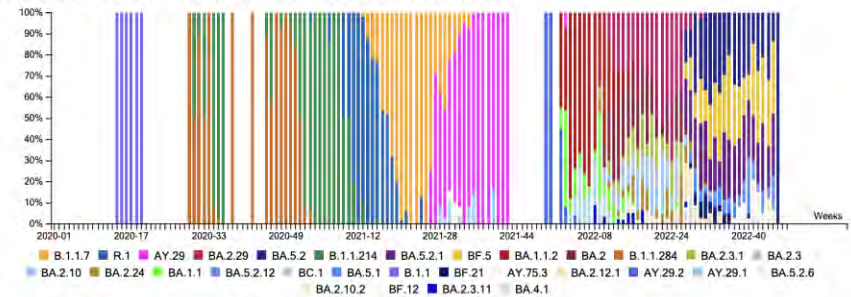
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

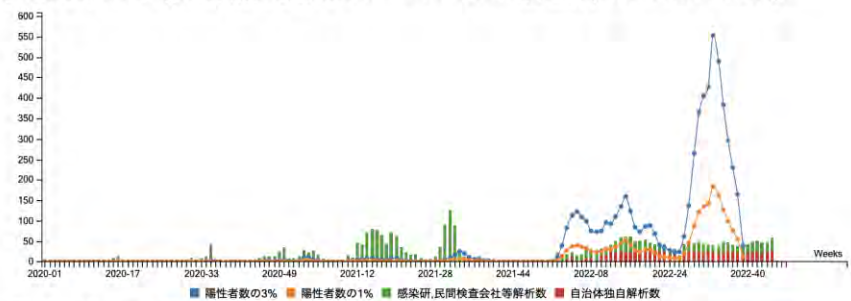
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

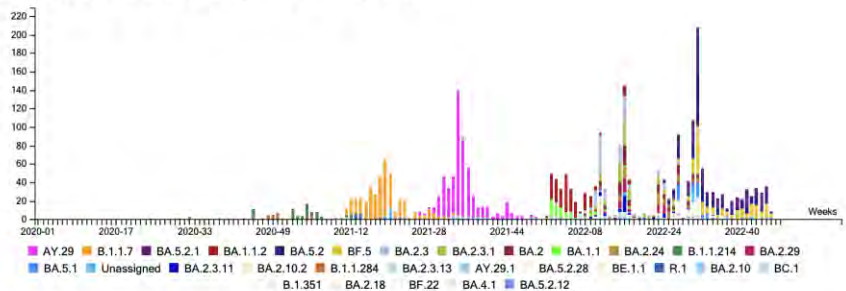


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

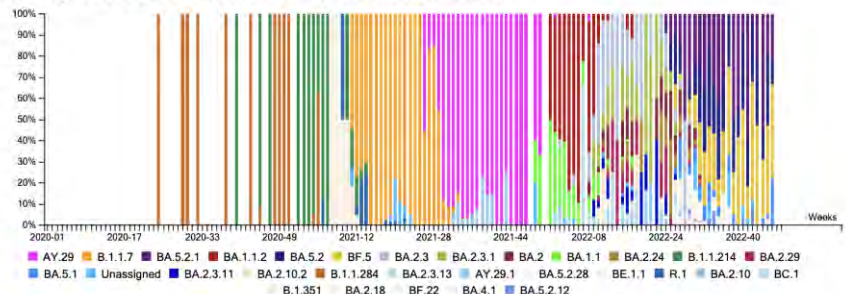
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

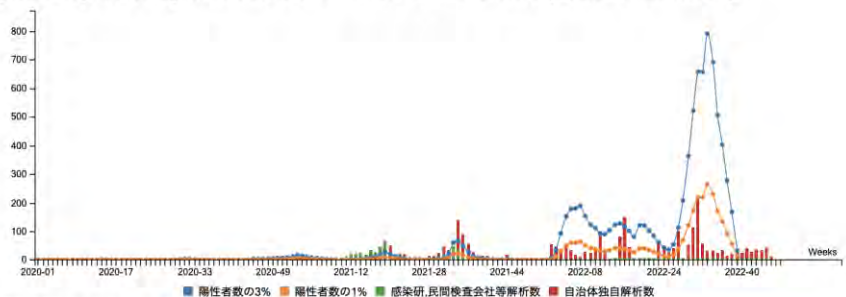
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

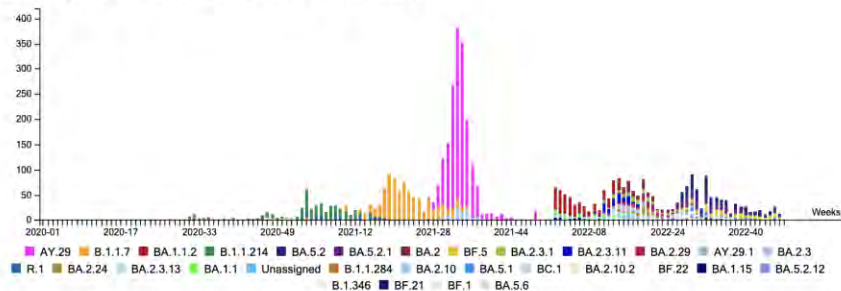


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

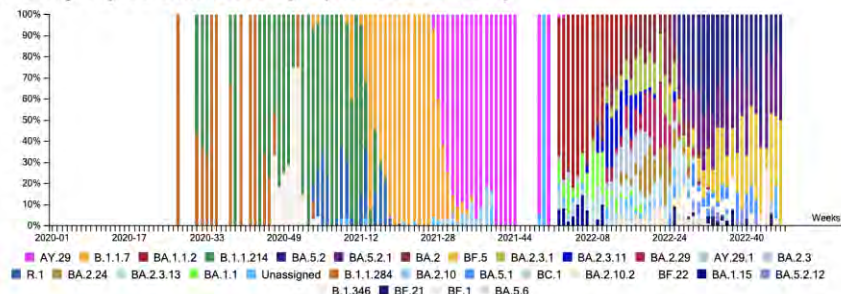
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

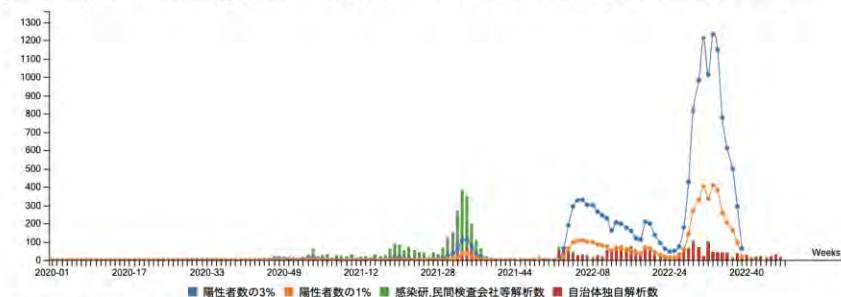
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

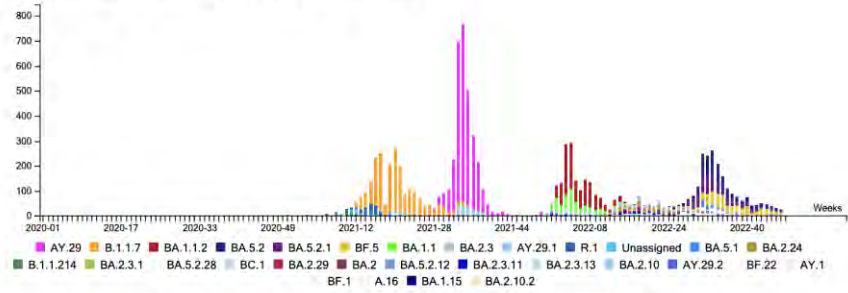


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

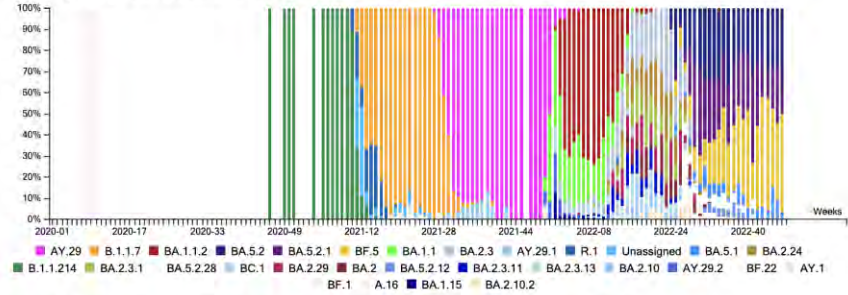
愛知県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



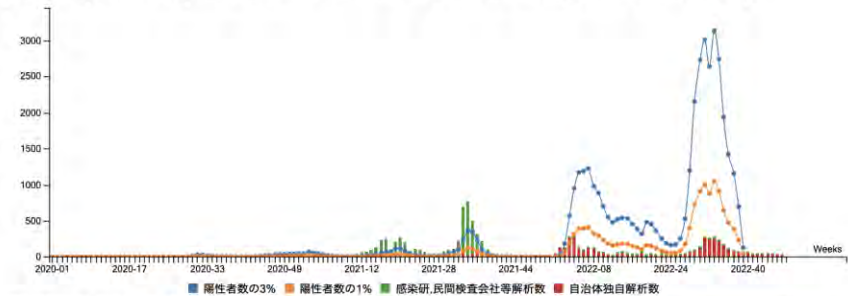
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

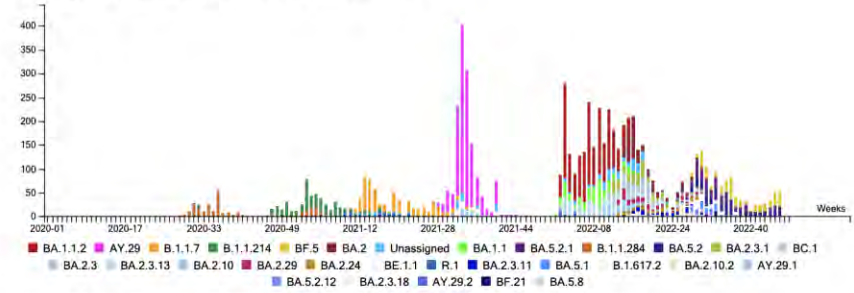
[Asia/Japan/Aichi] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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://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)

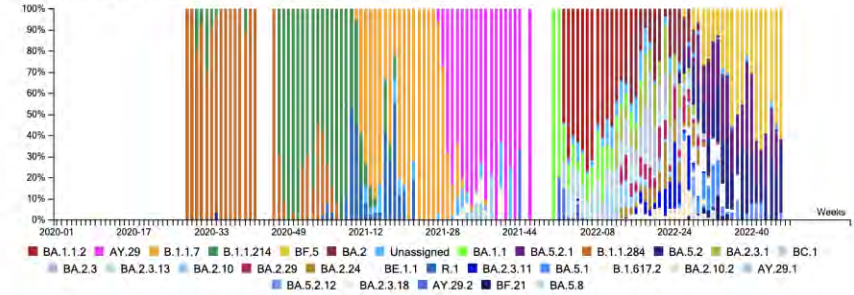
三重県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



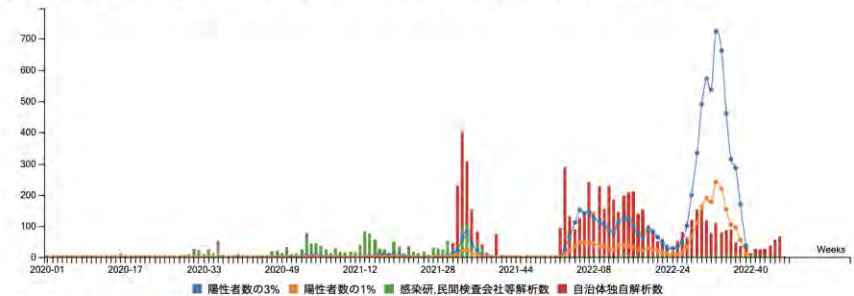
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

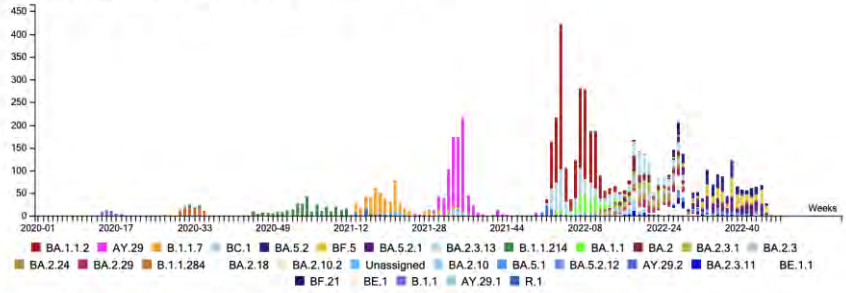
[Asia/Japan/Mie] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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://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)

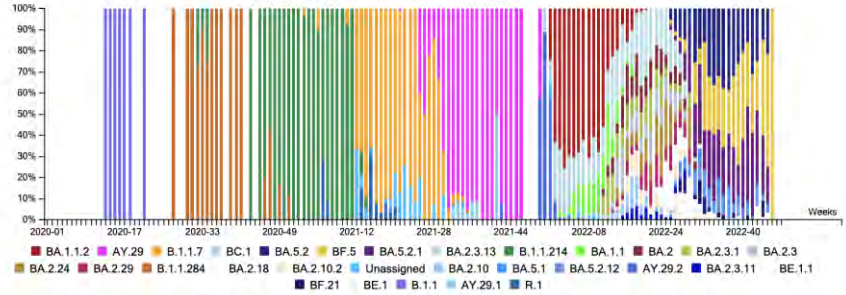
滋賀県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



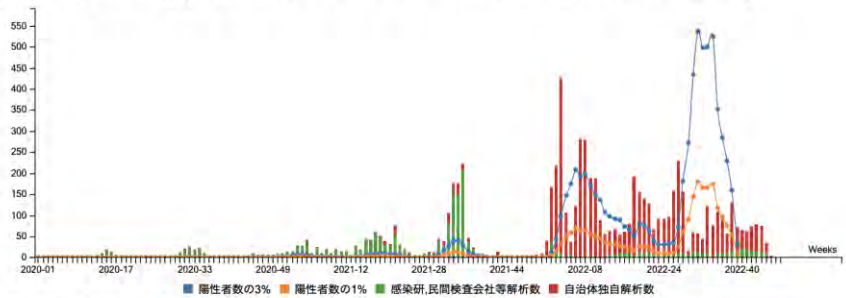
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

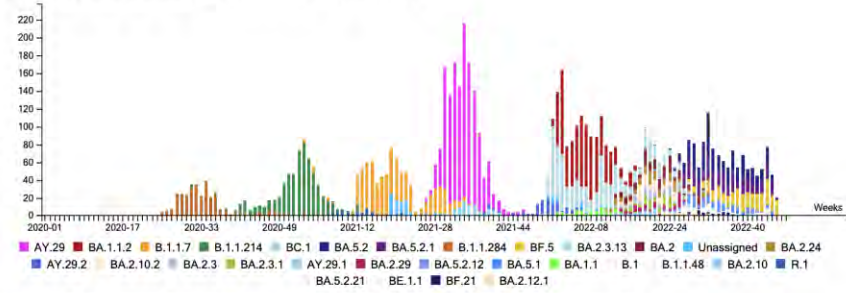
[Asia/Japan/Shiga] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

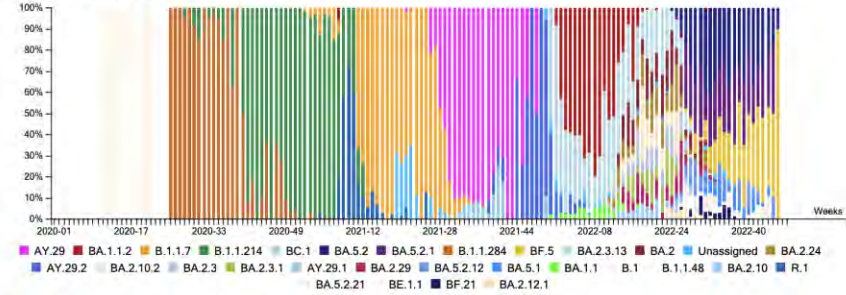
京都府

Weekly Top 30 Graph (count each week)



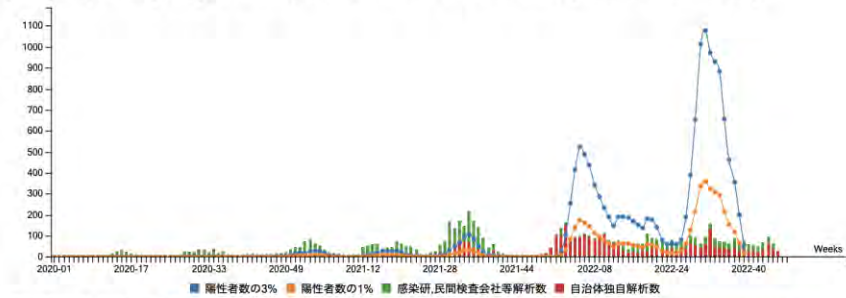
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

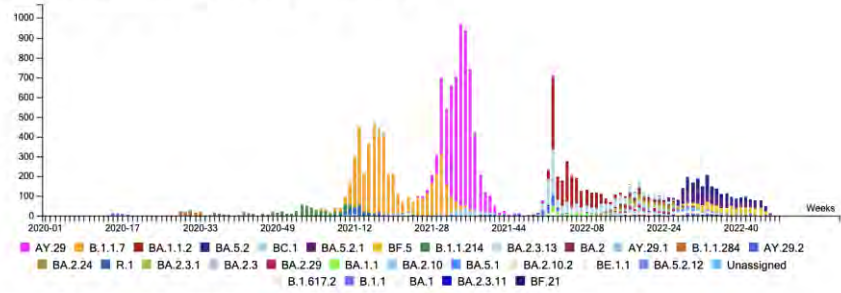
[Asia/Japan/Kyoto] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

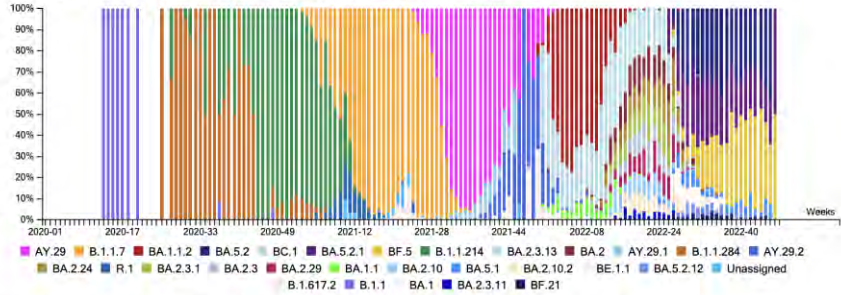
大阪府

Weekly Top 30 Graph (count each week)



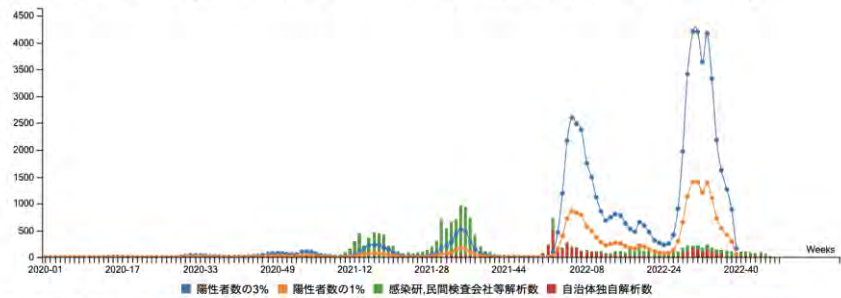
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

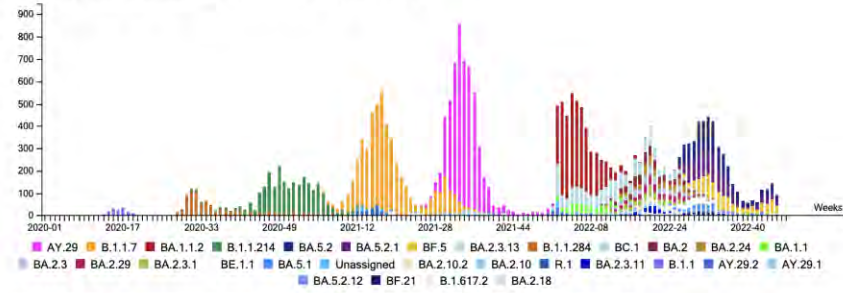
[Asia/Japan/Osaka] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

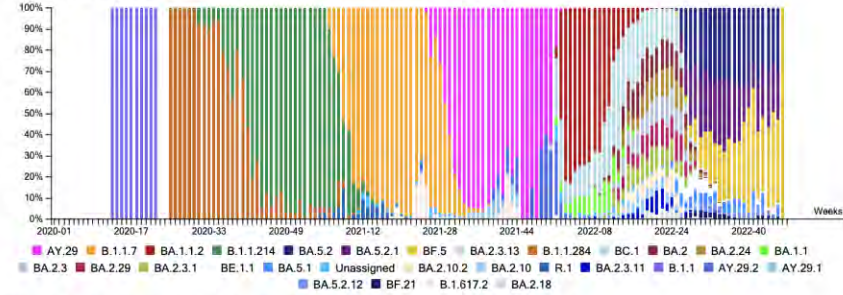
兵庫県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



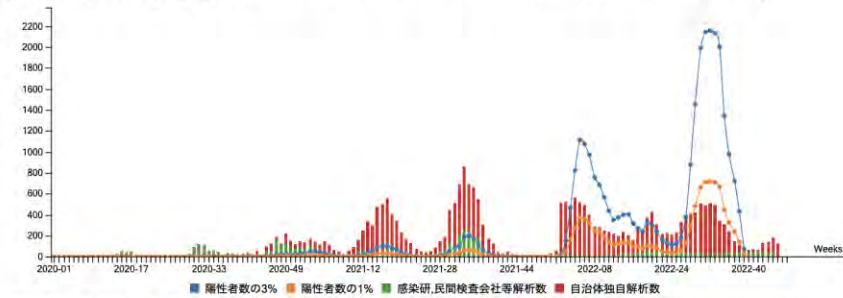
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

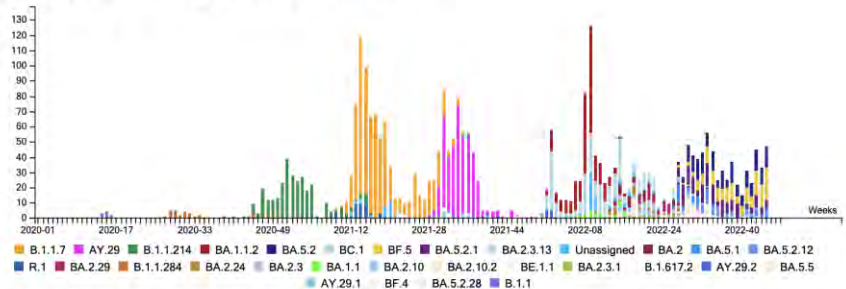
[Asia/Japan/Hyogo] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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

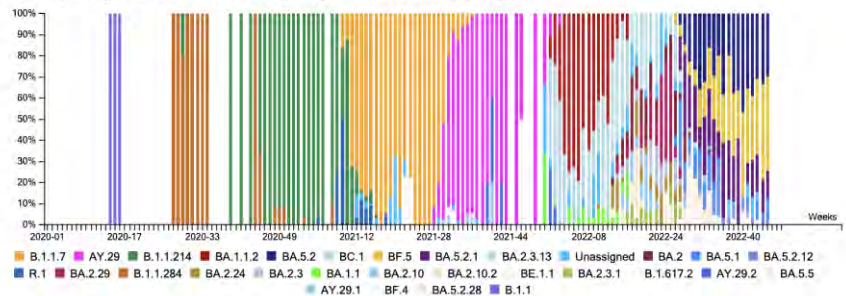
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

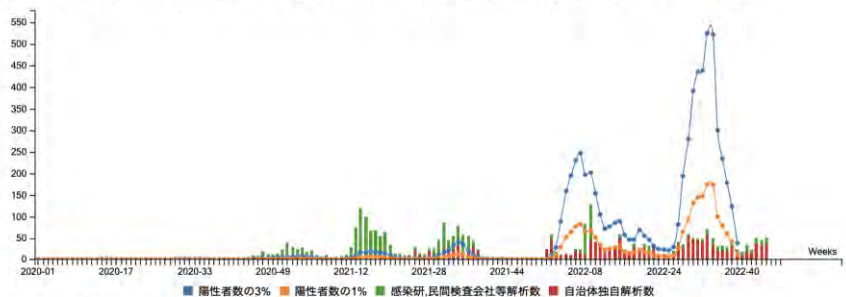
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

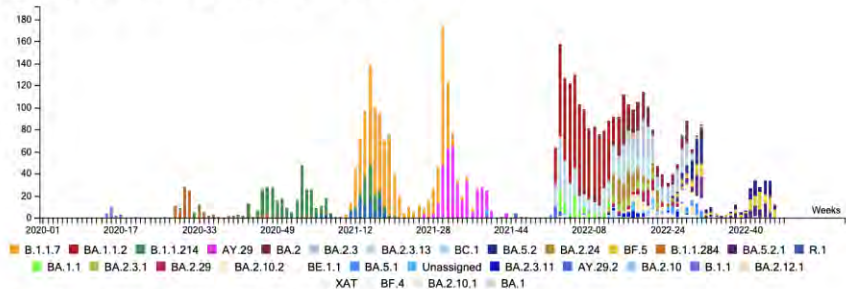


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

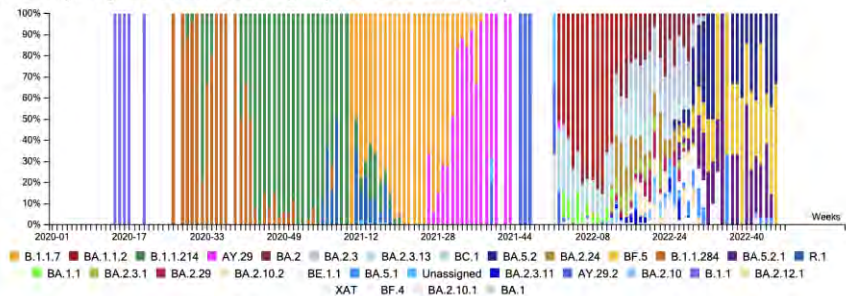
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

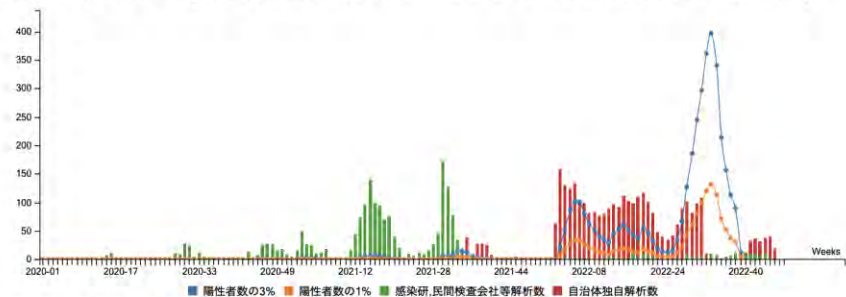
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

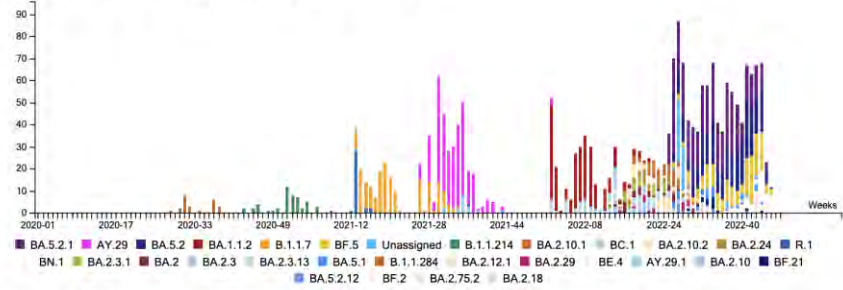


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

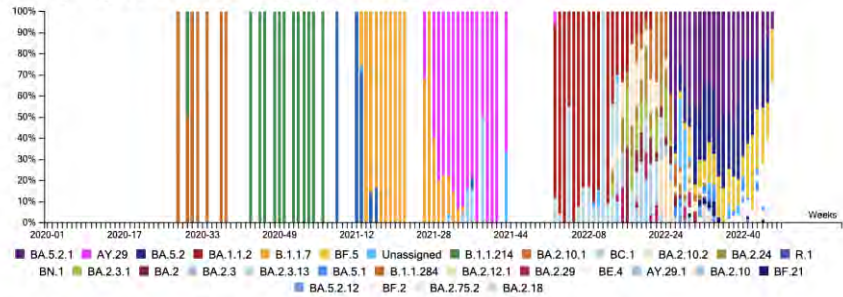
鳥取県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



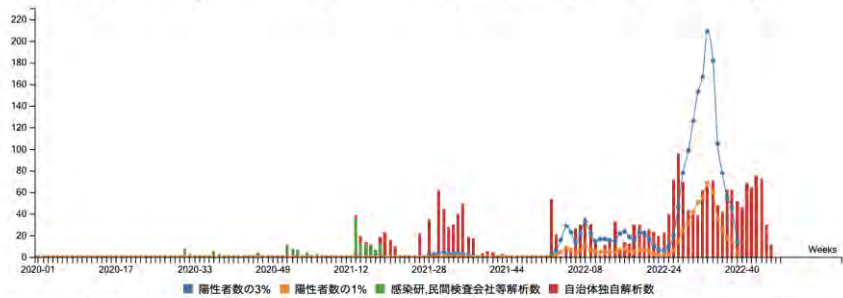
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

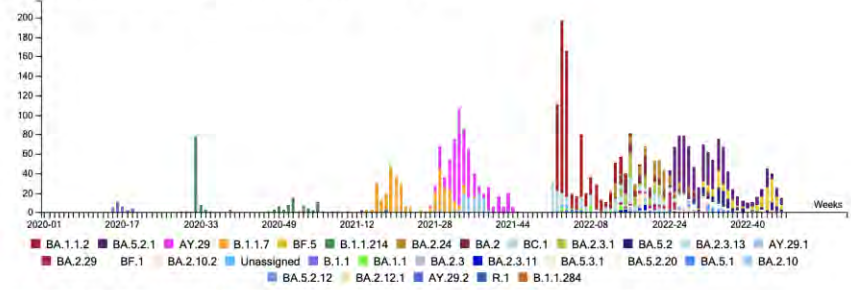
[Asia/Japan/Tottori] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

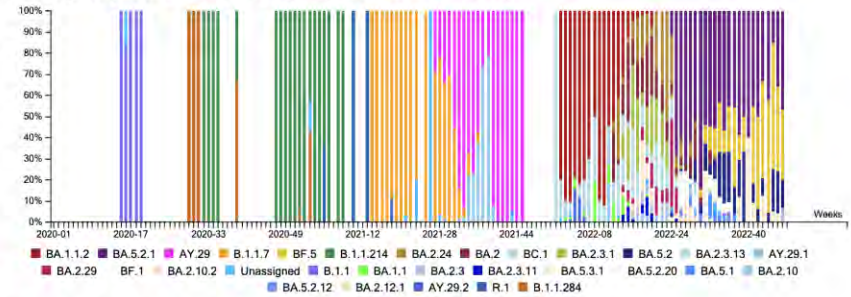
島根県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



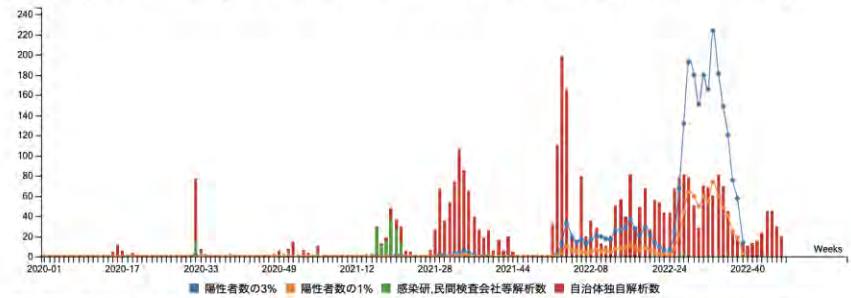
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

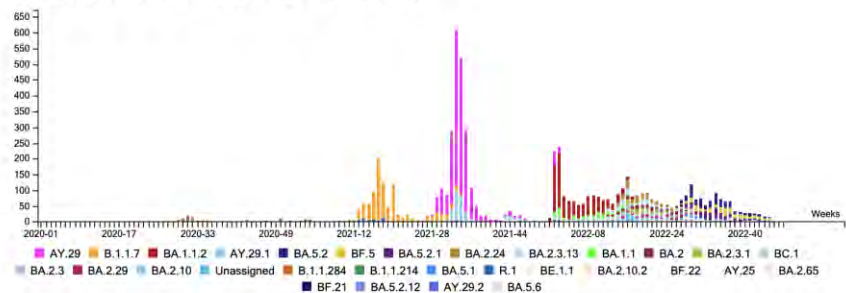
[Asia/Japan/Shimane] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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

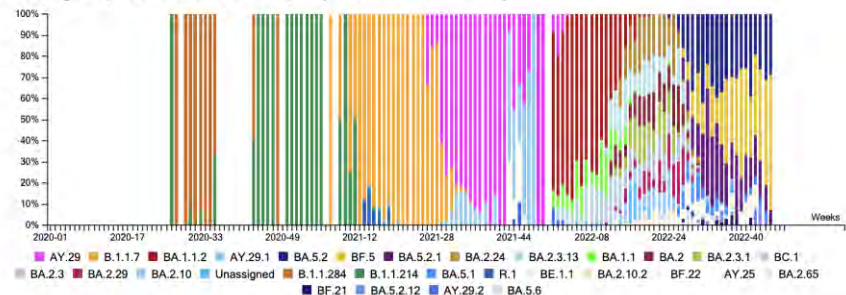
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

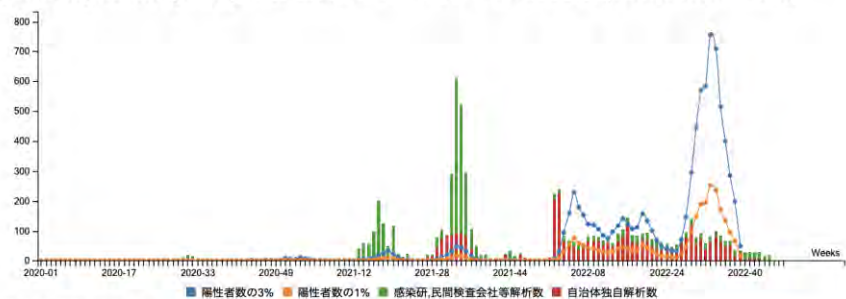
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



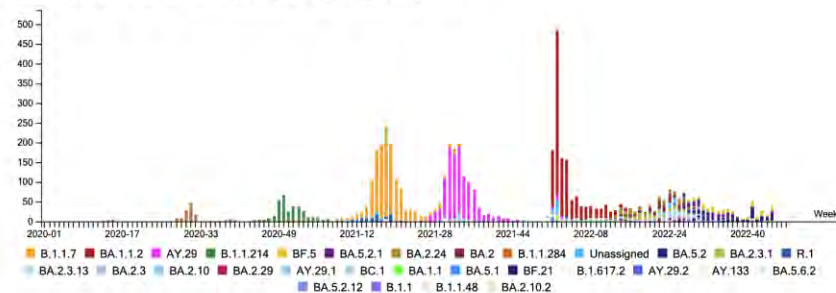
[陽性者数の計算について (集計元) 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>]

[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

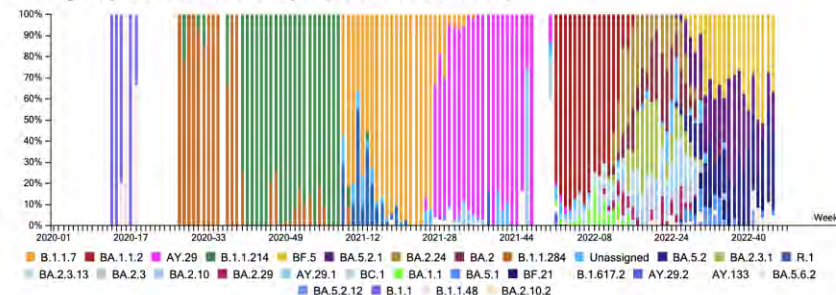
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

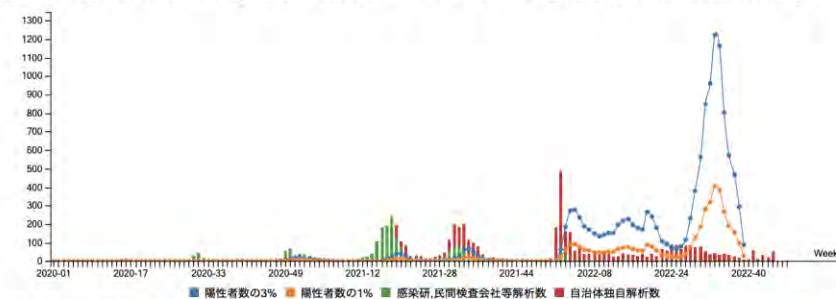
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



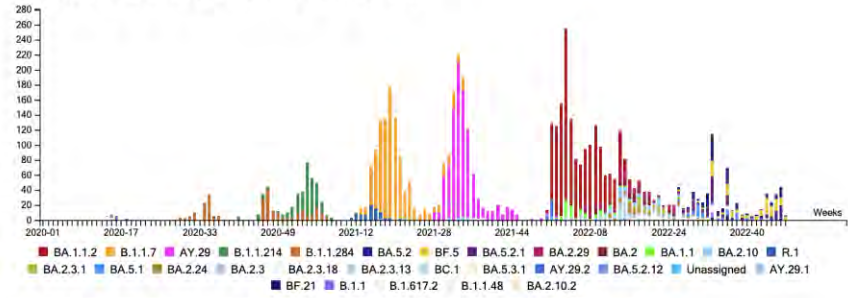
[陽性者数の計算について (集計元) 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>]

[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)

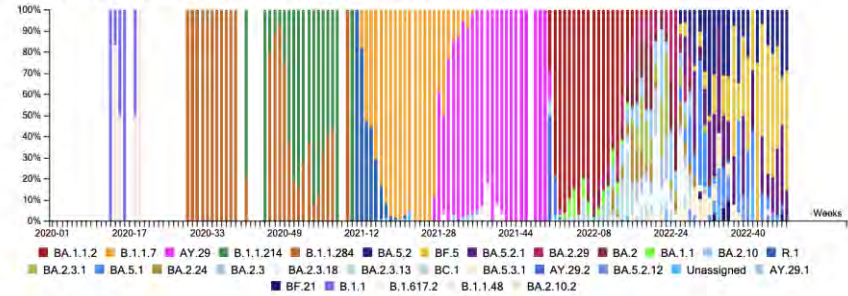
山口県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



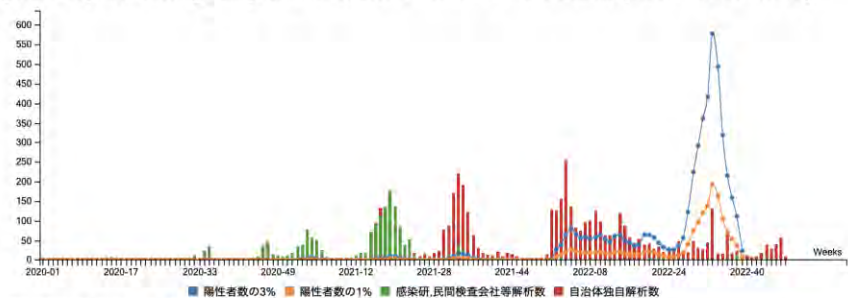
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

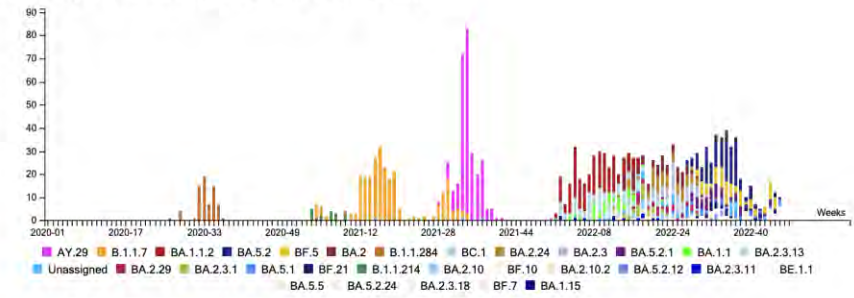
[Asia/Japan/Yamaguchi] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

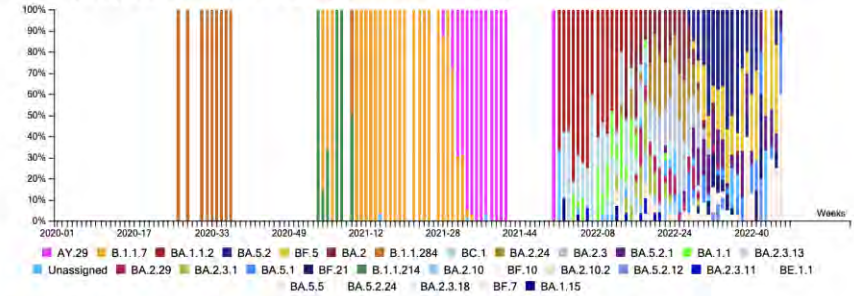
徳島県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



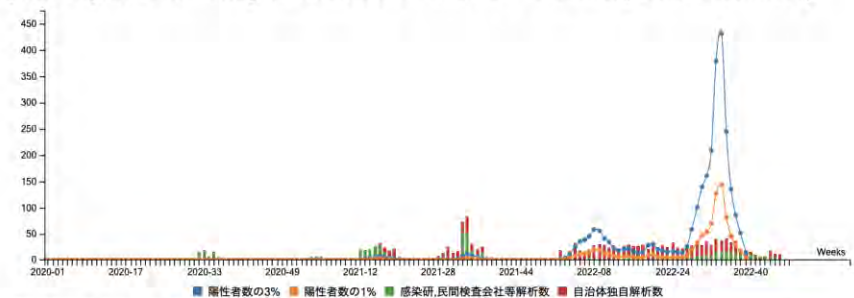
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

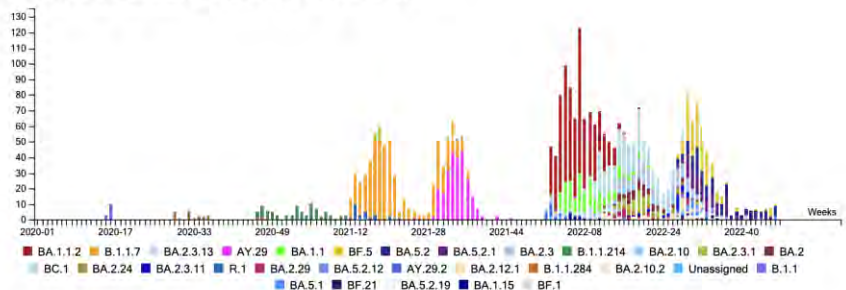
[Asia/Japan/Tokushima] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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

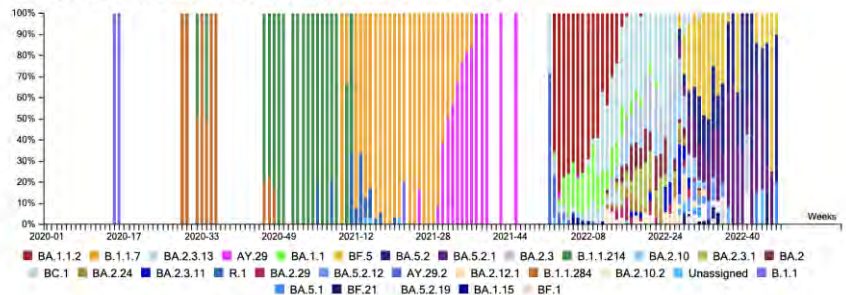
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

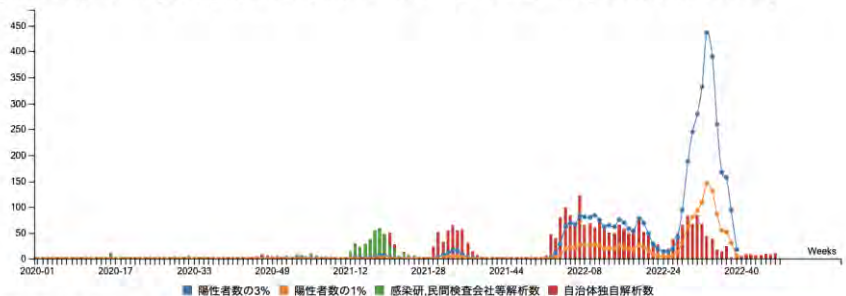
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

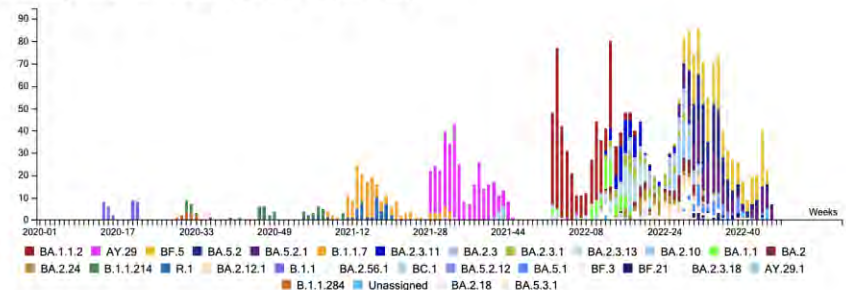


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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

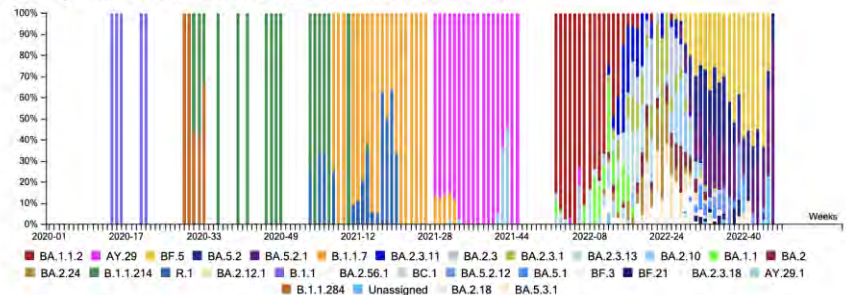
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

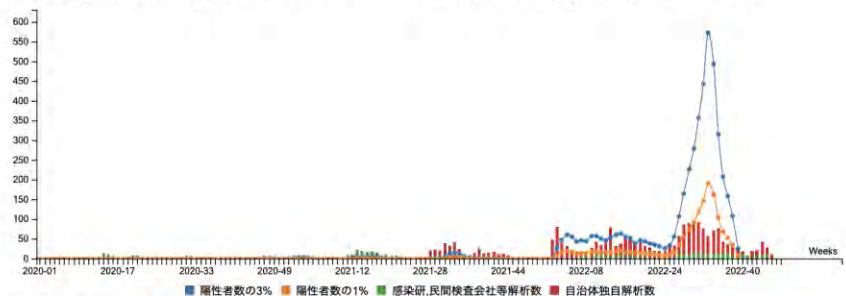
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

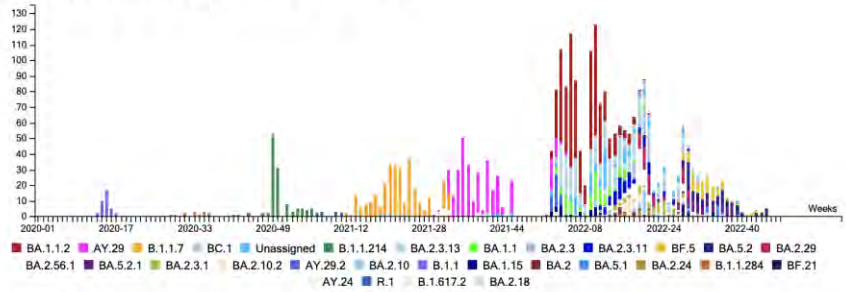


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

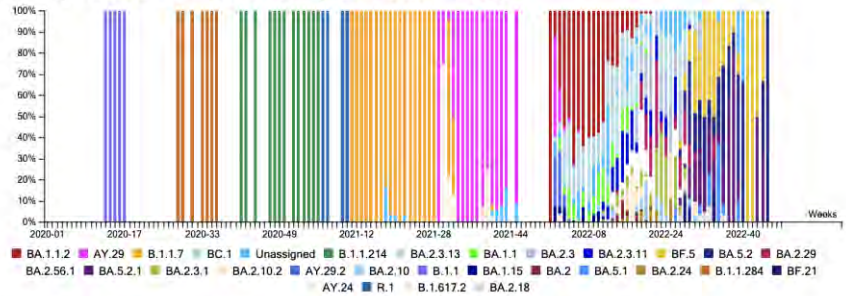
高知県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



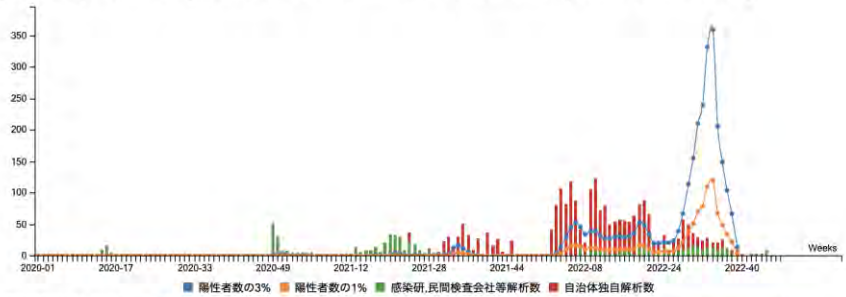
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

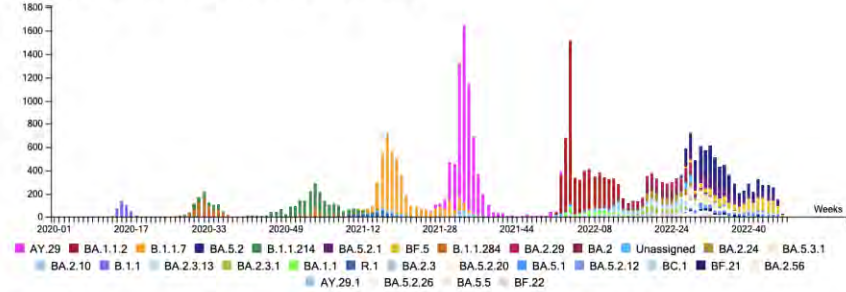
[Asia/Japan/Kochi] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

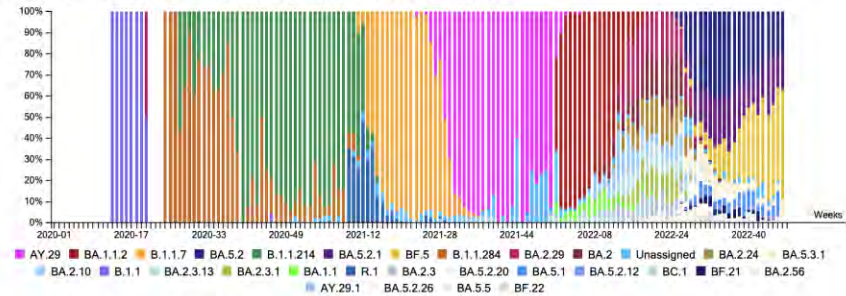
福岡県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



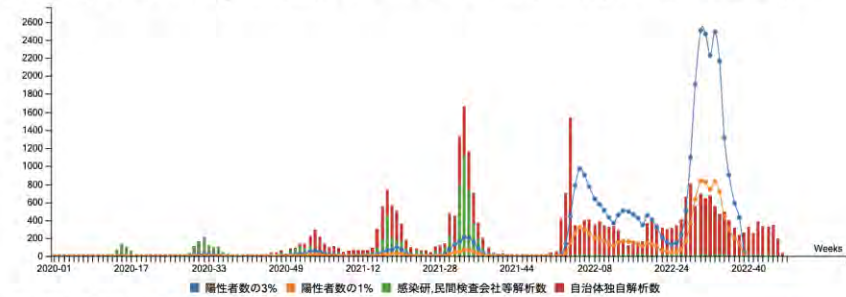
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

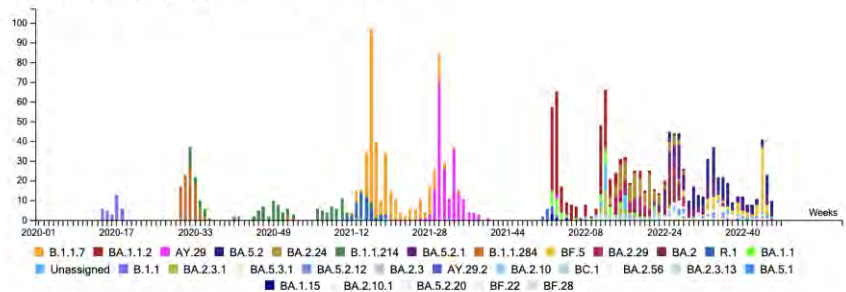
[Asia/Japan/Fukuoka] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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

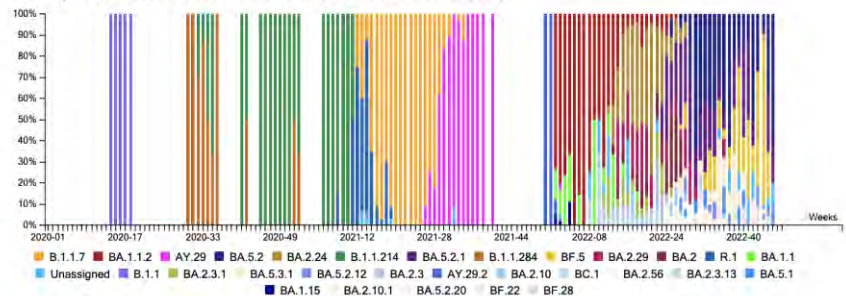
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

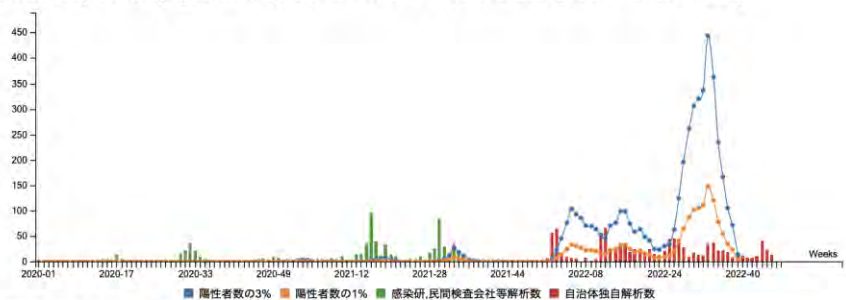
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



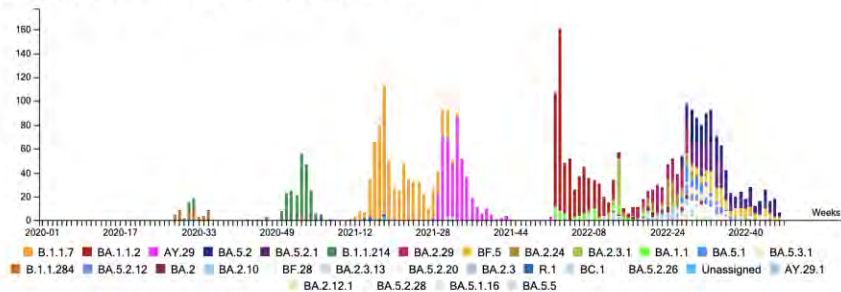
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www.3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

長崎県

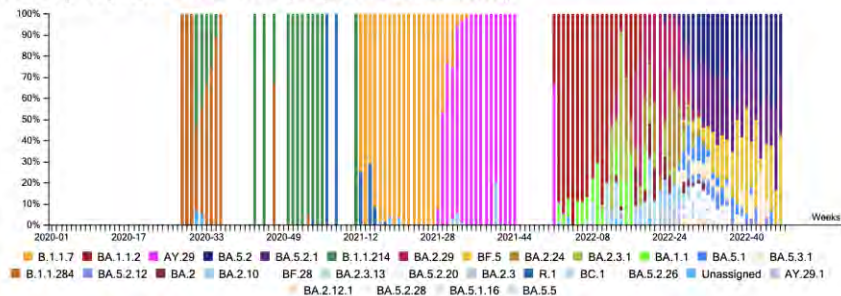
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

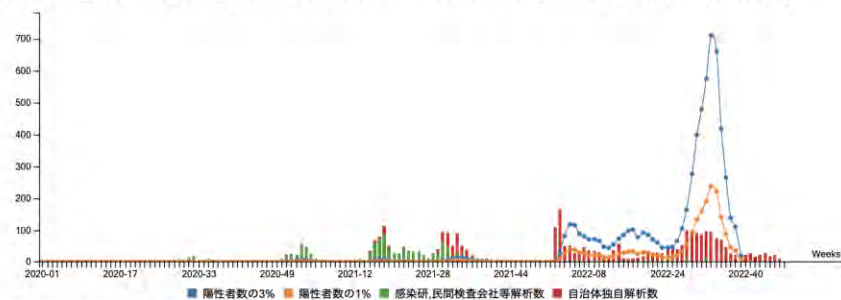
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)



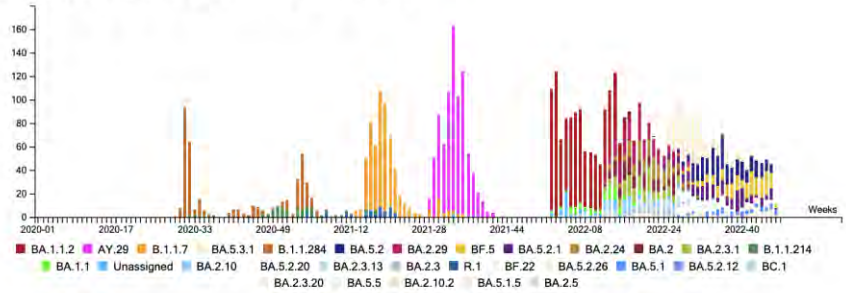
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www.3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

[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)

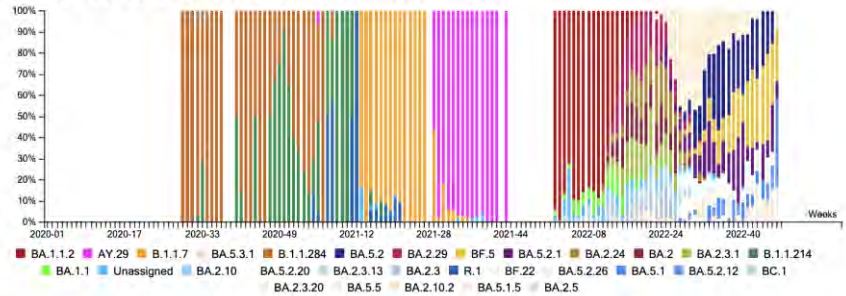
熊本県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



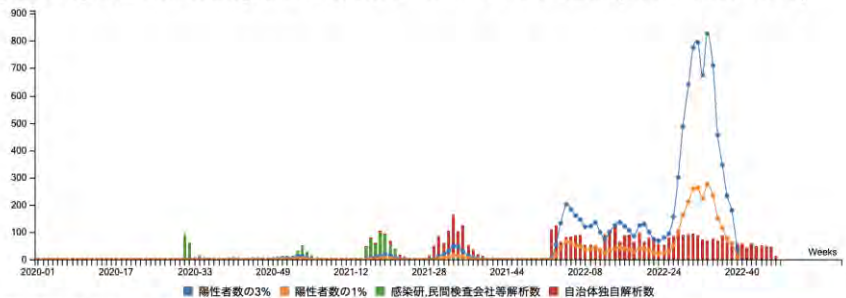
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

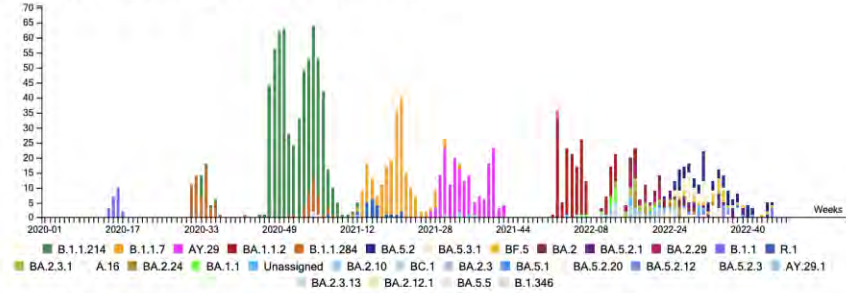
[Asia/Japan/Kumamoto] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

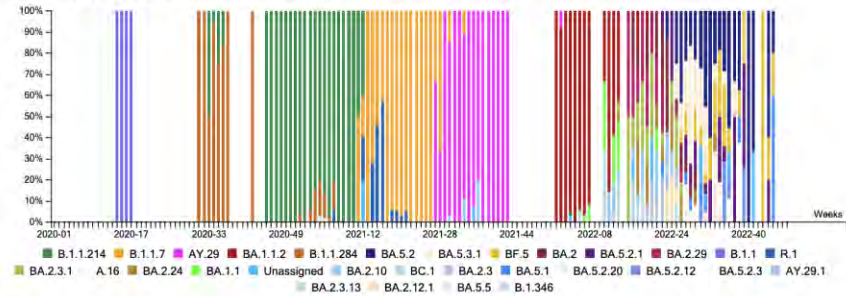
大分県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



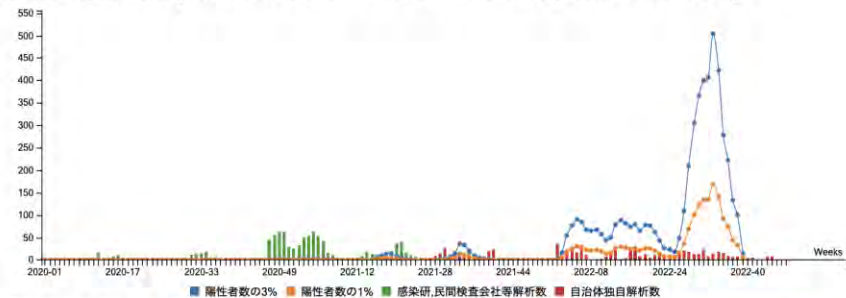
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

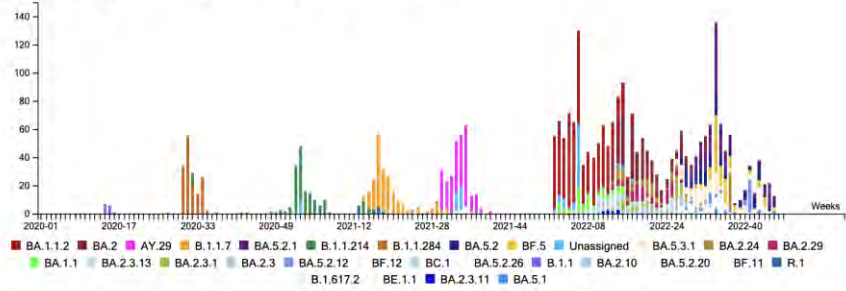
[Asia/Japan/Oita] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

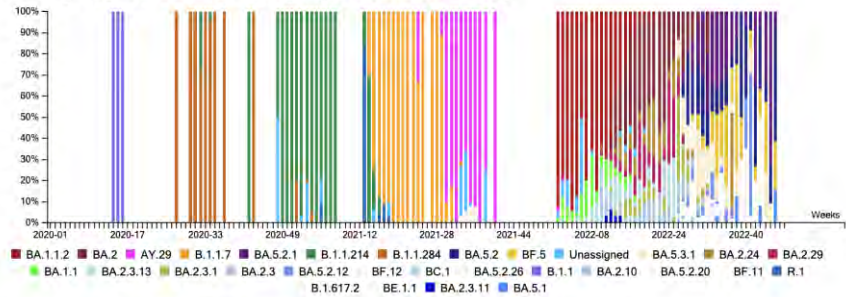
宮崎県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



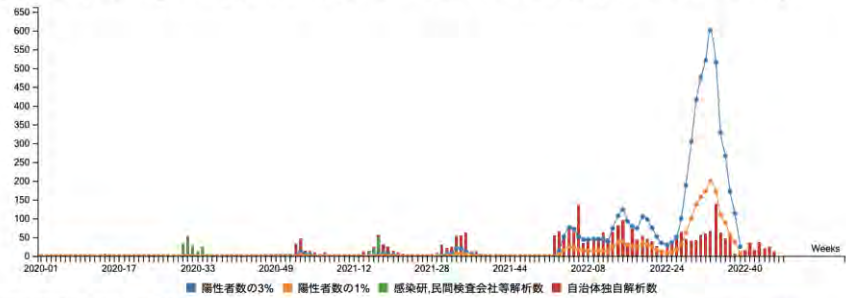
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

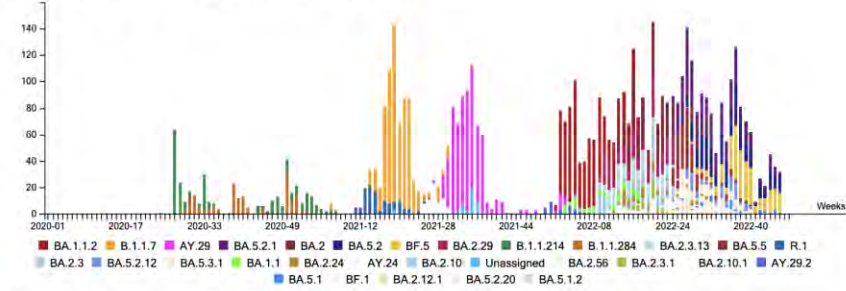
[Asia/Japan/Miyazaki] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

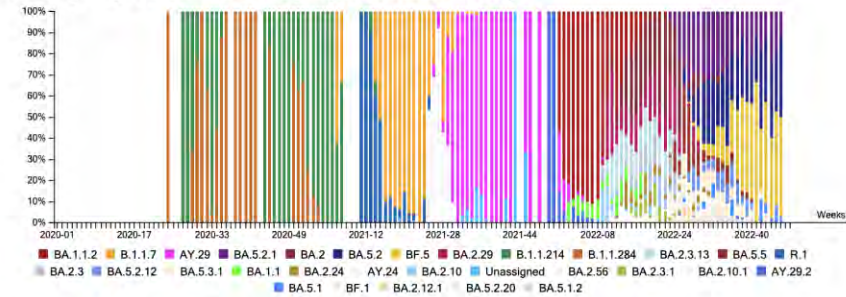
鹿児島県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



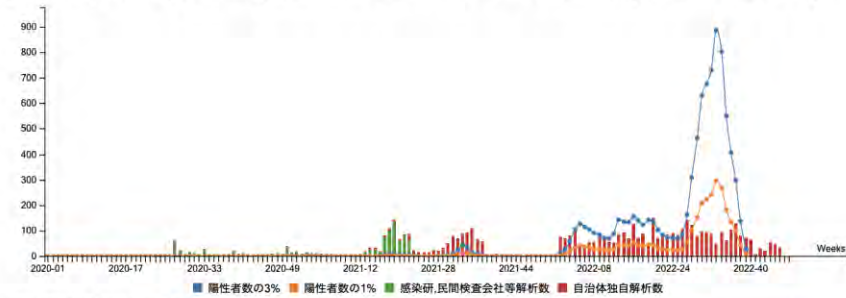
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

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)

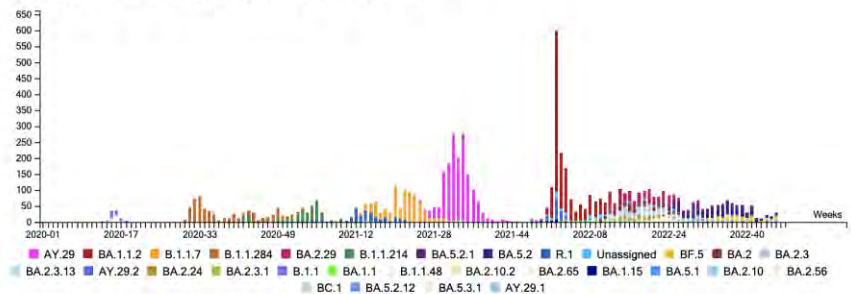
[Asia/Japan/Kagoshima] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



[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)

沖縄県

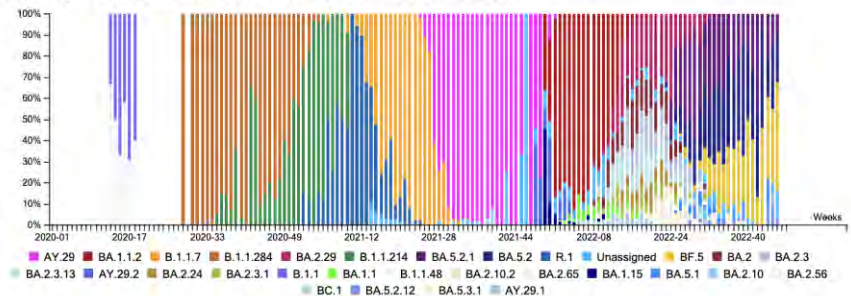
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

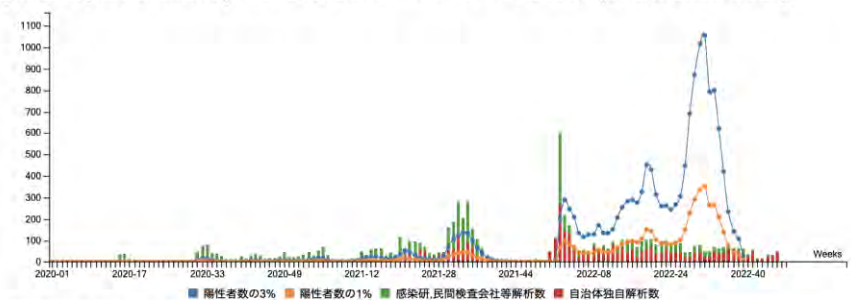
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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)

※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。