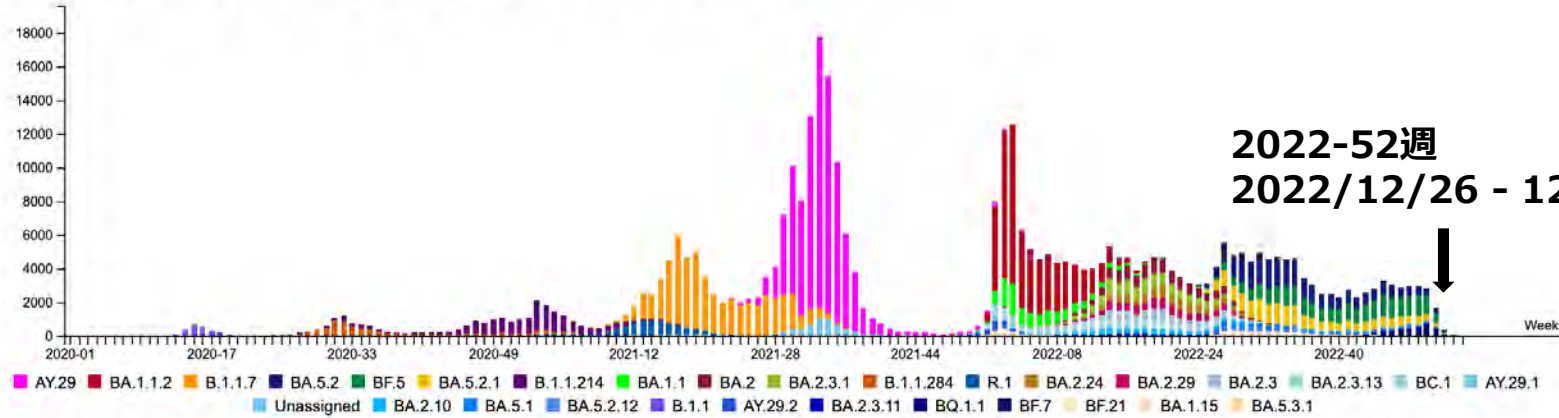


新型コロナウイルス ゲノムサーベイランスによる系統別検出状況（国立感染症研究所）

国内 新型コロナウイルスゲノムの PANGO lineage 変遷（2023/01/13 現在）

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

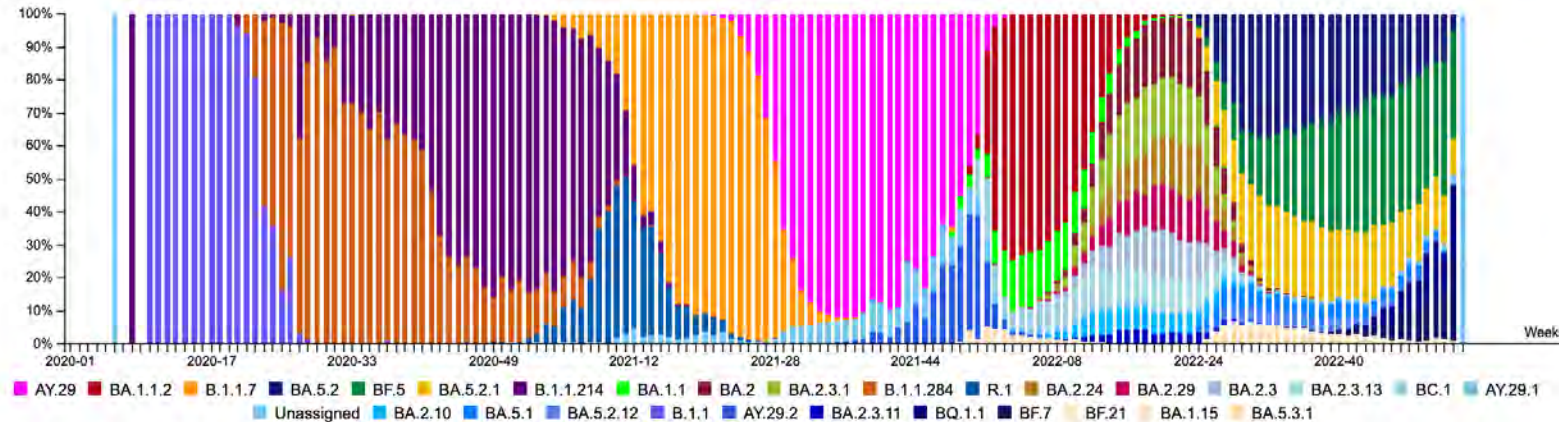


2022-52週
2022/12/26 - 12/31

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

(ウイルス量が少なくゲノム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	2022-52(w)
BA.2.3	1
BA.2.3.20	7
BM.1.1.1	2
BM.4.1.1	8
BN.1	33
BR.2	2
BA.5.1	2
BA.5.1.10	2
BA.5.1.2	1
BA.5.1.25	1
BA.5.1.5	10
BA.5.2	59
BA.5.2.1	60
BA.5.2.12	1
BA.5.2.16	1
BA.5.2.18	3
BA.5.2.21	1
BA.5.2.22	1
BA.5.2.26	1
BA.5.2.27	2
BA.5.2.3	1
BA.5.2.33	1
BA.5.2.6	46
BA.5.2.7	1
BA.5.3.1	1
BA.5.5.1	11
BA.5.9	1
BE.4.1	2
BF.10	1
BF.11	5
BF.14	1
BF.15	1
BF.2	2
BF.21	5
BF.25	3
BF.28	1
BF.4	2
BF.5	167
BF.7	58
BF.8	2
BQ.1	13
BQ.1.1	48
BQ.1.2	3
BQ.1.3	1
XBB.1	1
XBC.1	1
Unassigned	8

52週の時点でBA.1 0%、BA.2 9.1%、BA.4 0%、BA.5 89.2%、デルタ株 0%、それ以外 1.7%であった。
※それぞれの下位系統を含む

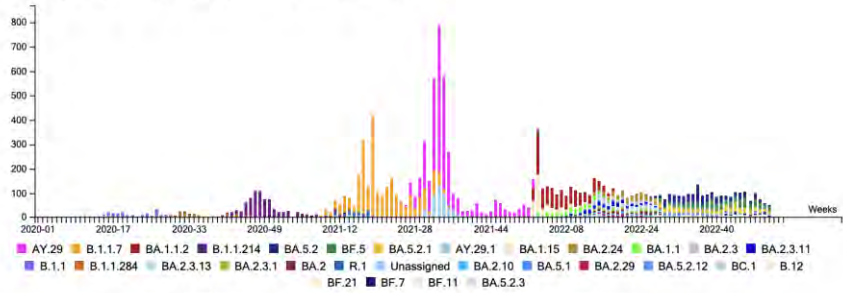
※その他の株は
検出されていない。

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

※今後、解析判定データの追加登録が行われ、数値の変動があることに留意

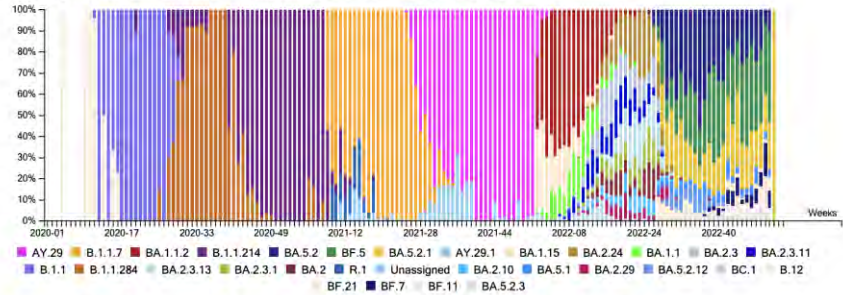
北海道

Weekly Top 30 Graph (count each week)



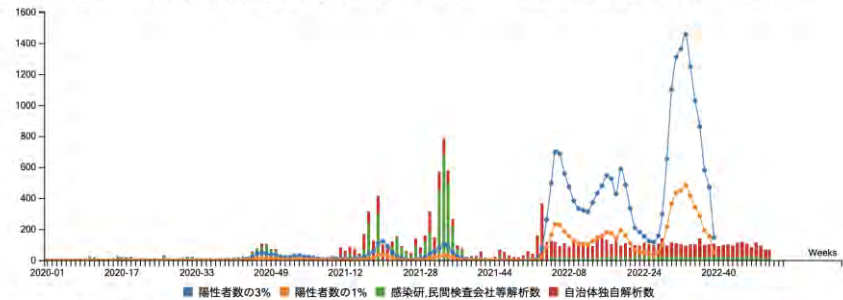
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

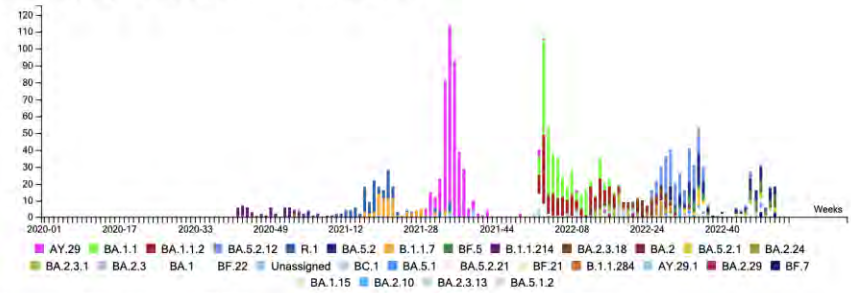
[Asia/Japan/Hokkaido] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

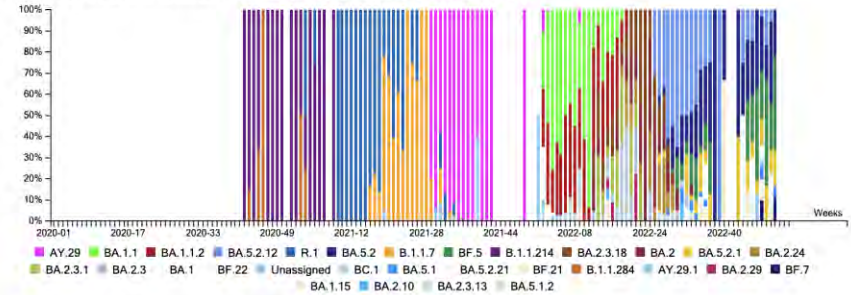
青森県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



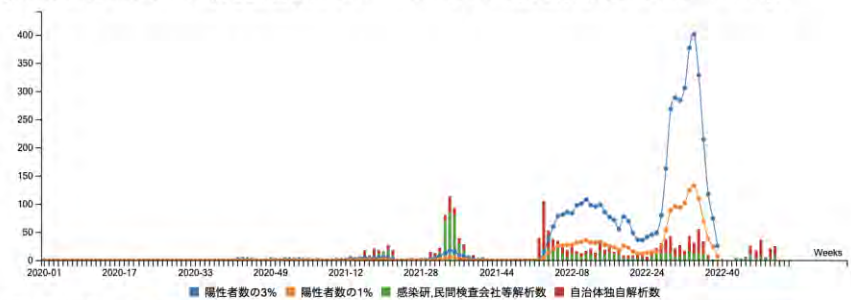
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

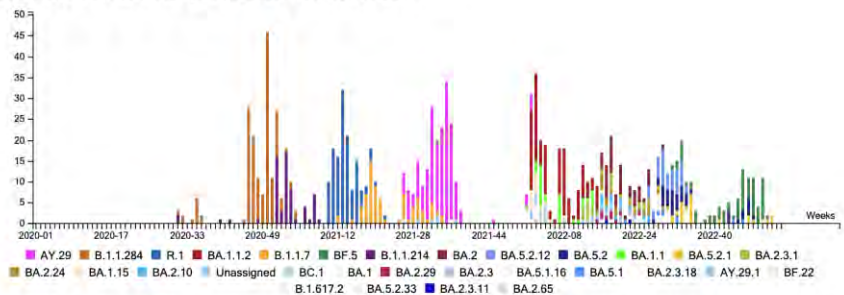
[Asia/Japan/Aomori] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

岩手県

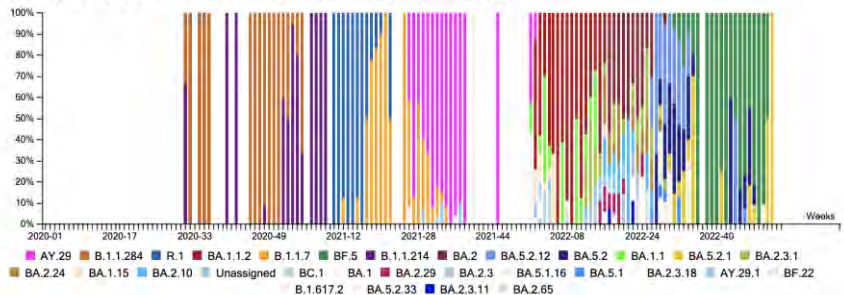
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

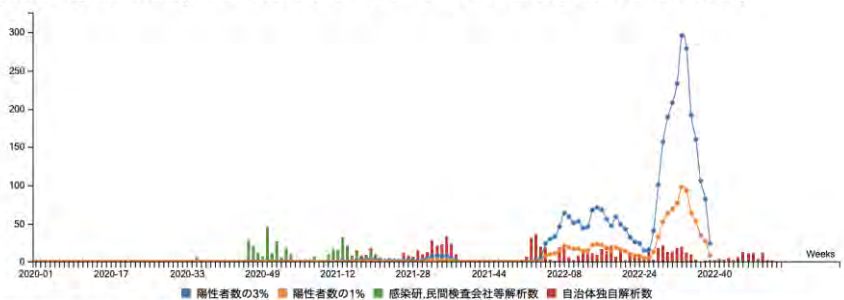
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

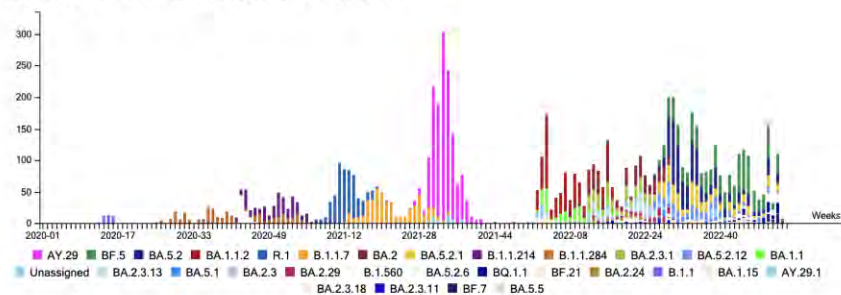


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

宮城県

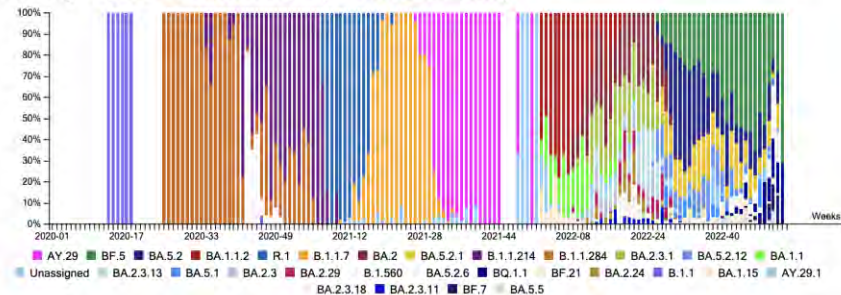
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

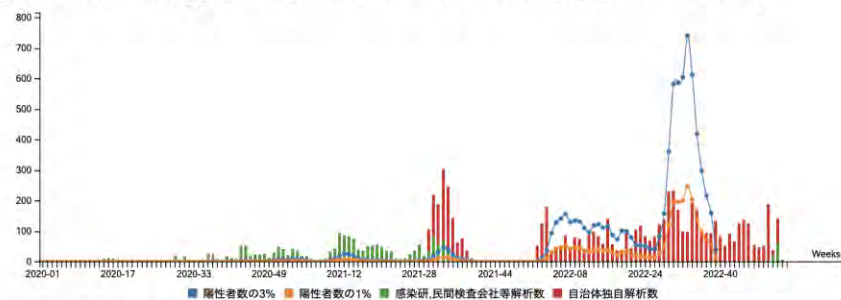
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

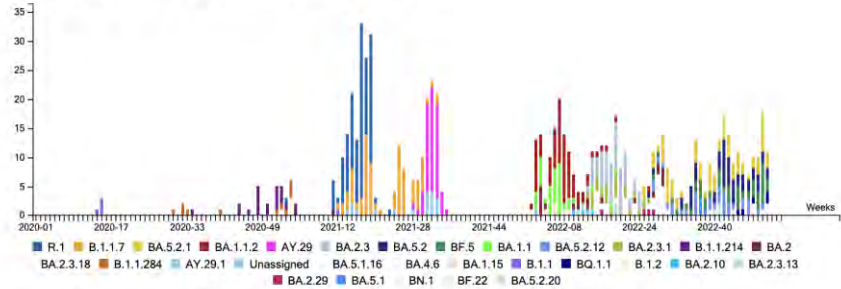


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

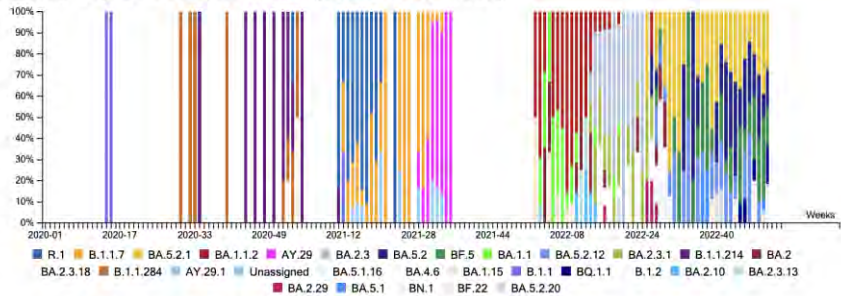
秋田県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



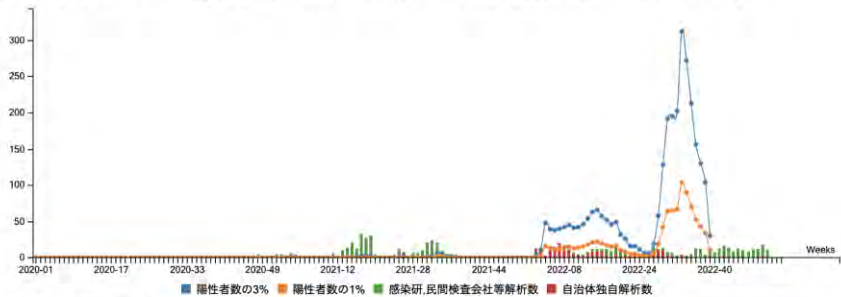
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

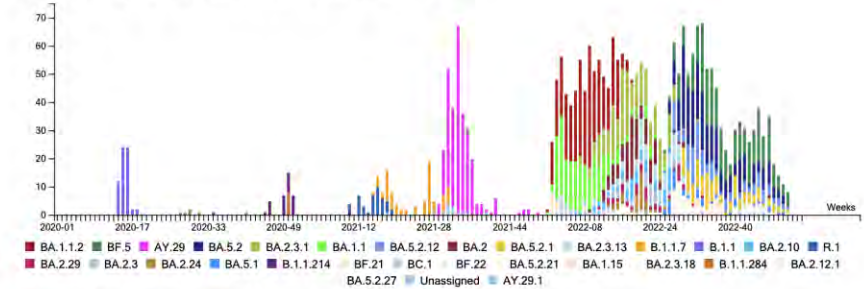
[Asia/Japan/Akita] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

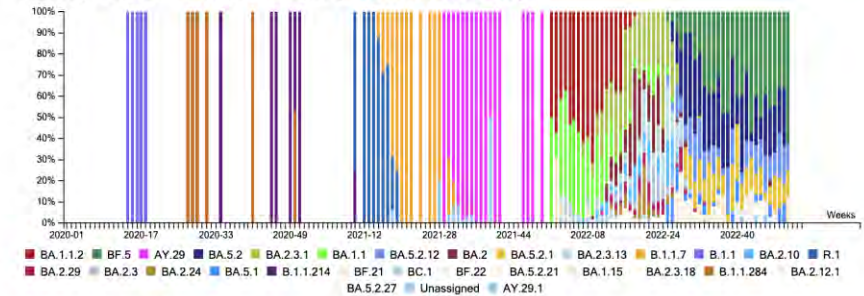
山形県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



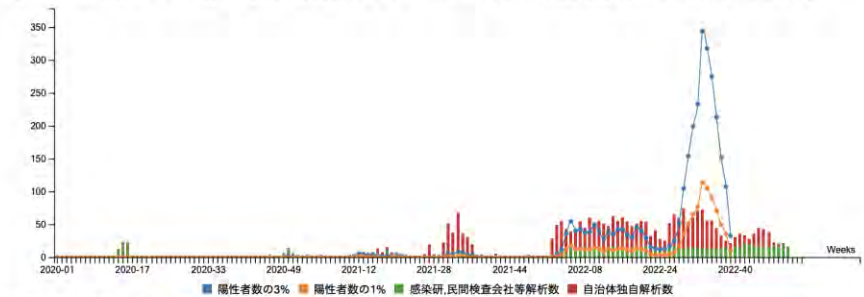
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

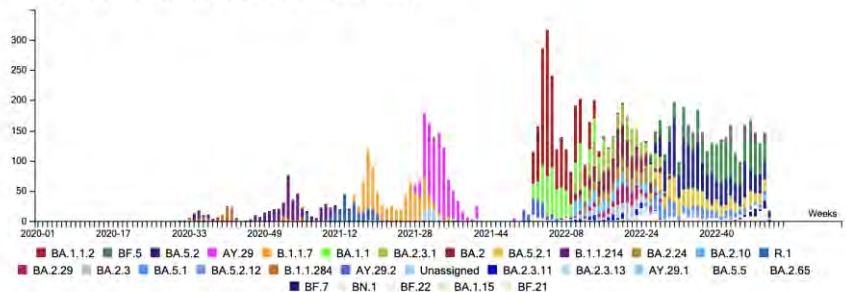
[Asia/Japan/Yamagata] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

福島県

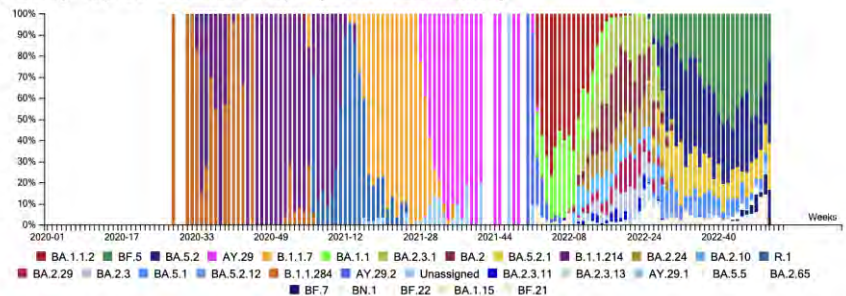
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

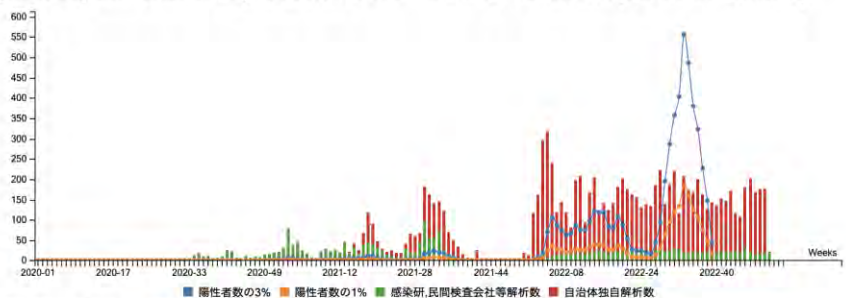
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

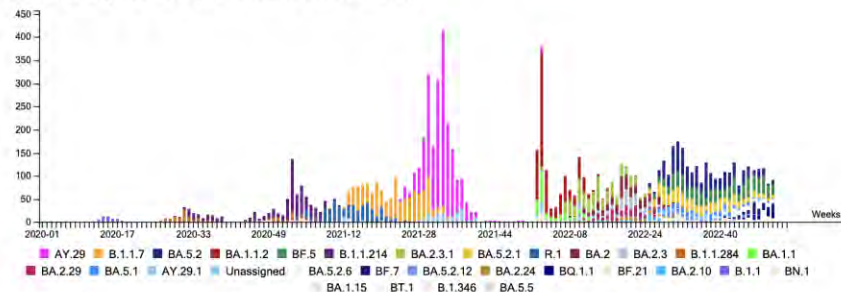


[陽性者数の計算について (集計元) 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>]

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

茨城県

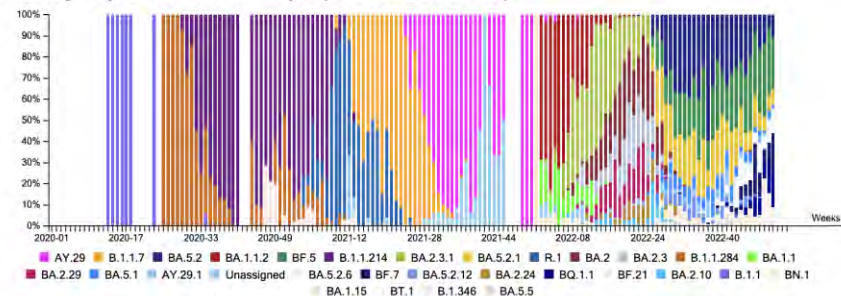
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

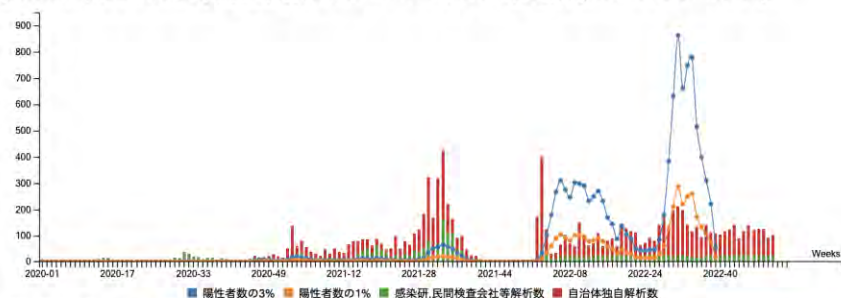
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

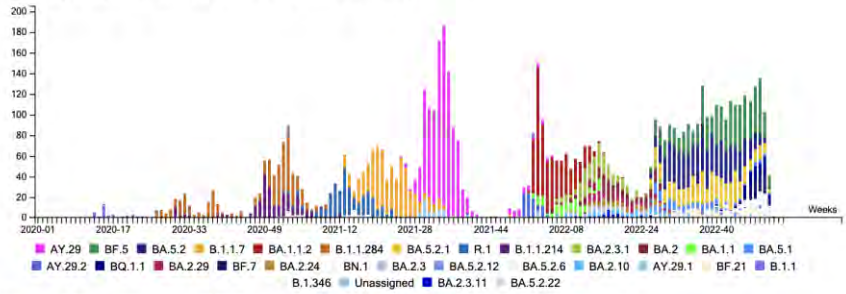


[陽性者数の計算について (集計元) 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>]

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

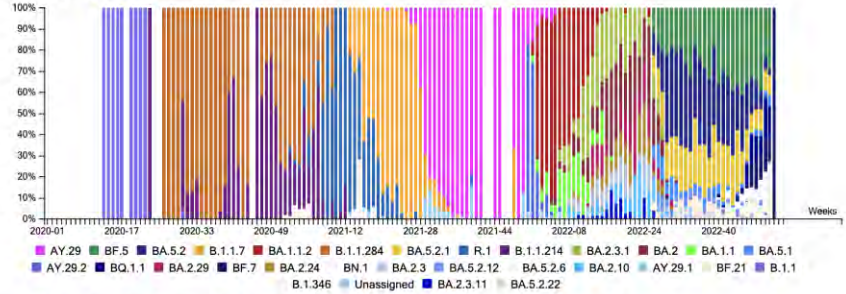
栃木県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



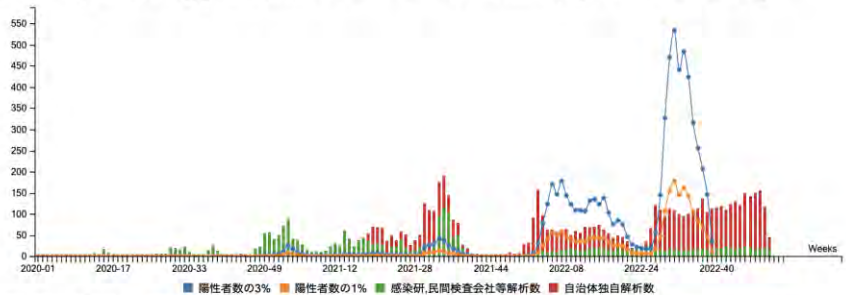
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

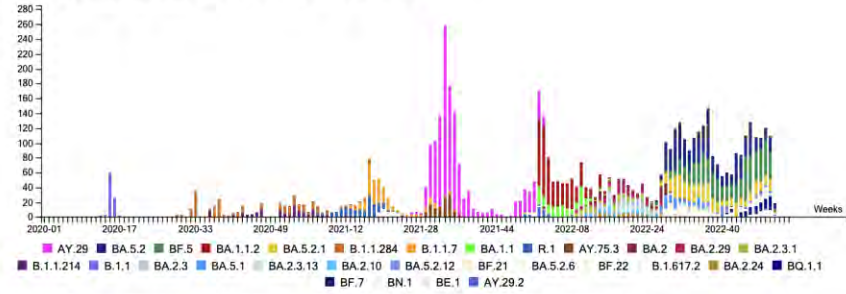
[Asia/Japan/Tochigi] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

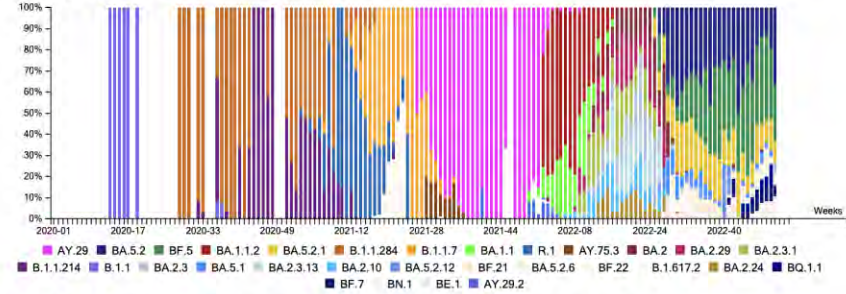
群馬県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



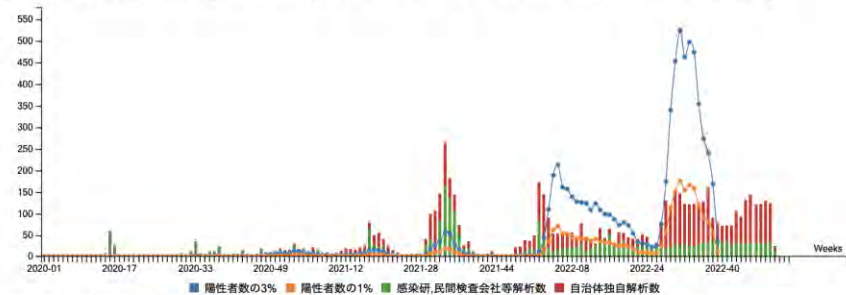
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

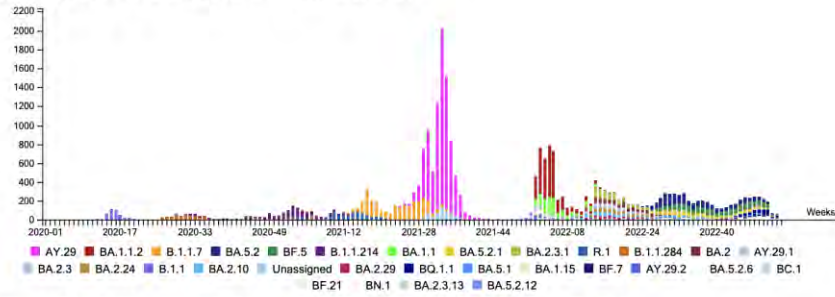
[Asia/Japan/Gunma] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

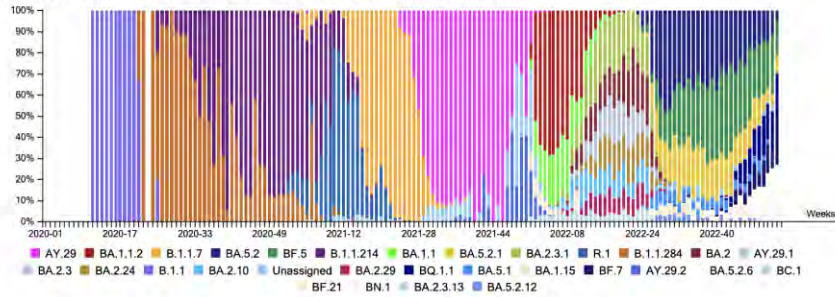
埼玉県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



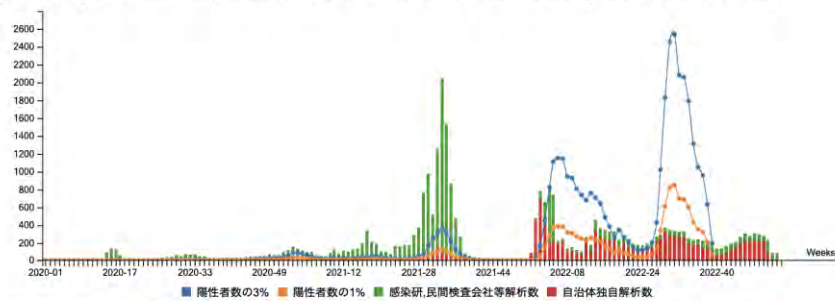
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

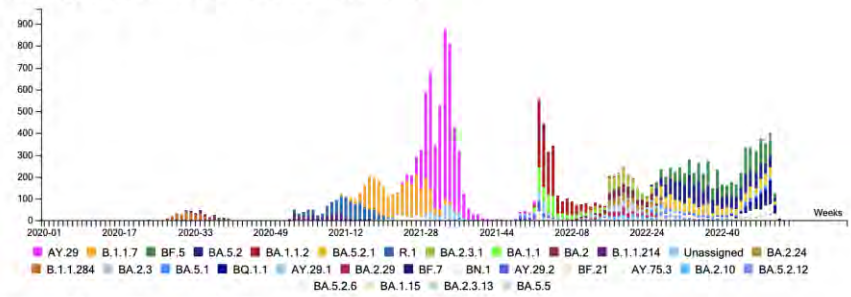
[Asia/Japan/Saitama] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

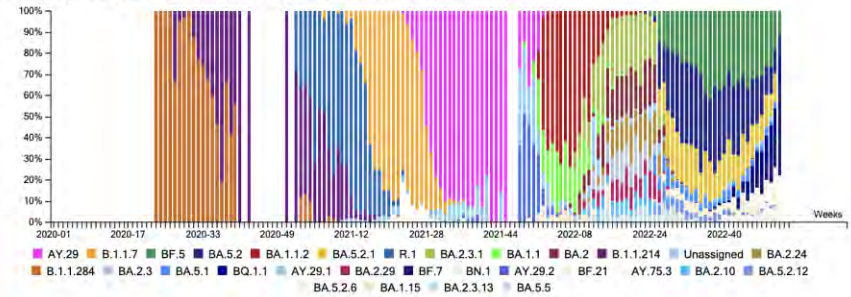
千葉県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



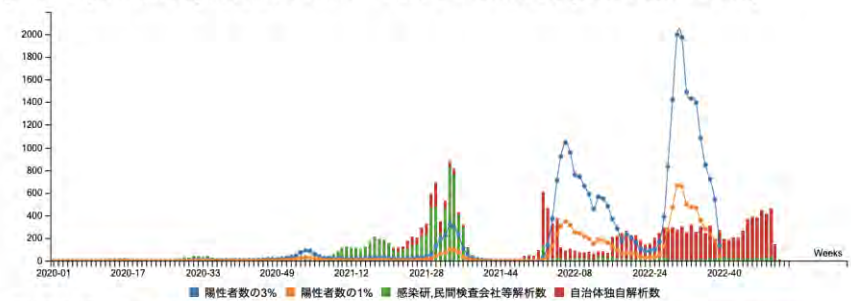
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

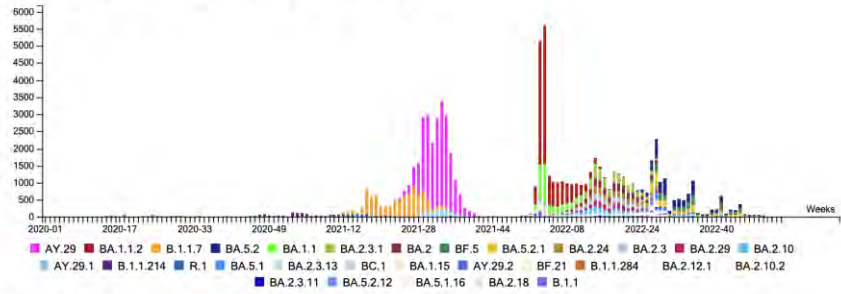
[Asia/Japan/Chiba] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

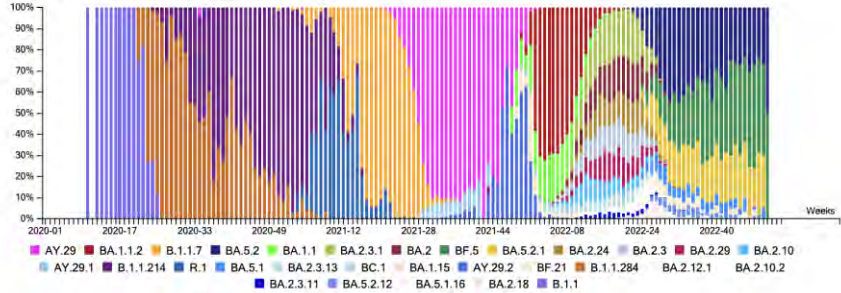
東京都

Weekly Top 30 Graph (count each week)



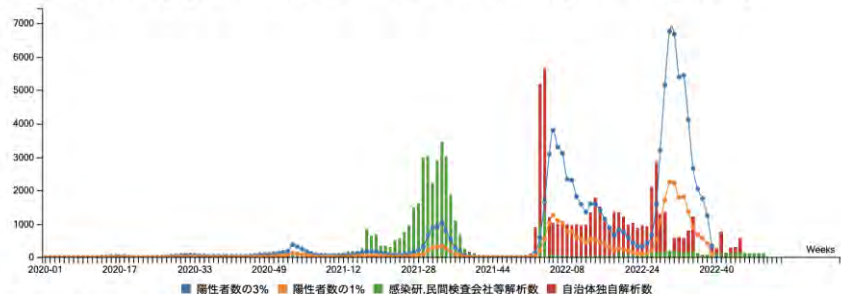
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

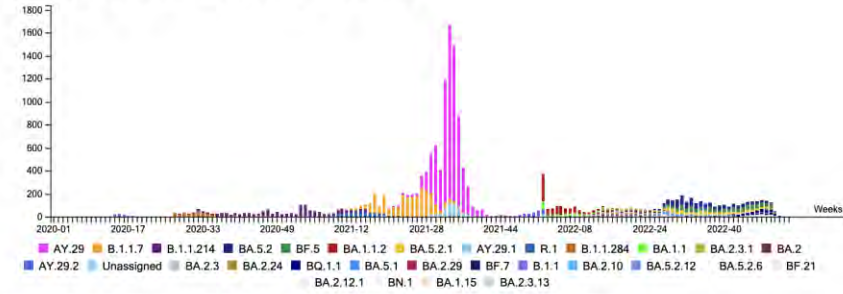
[Asia/Japan/Tokyo] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

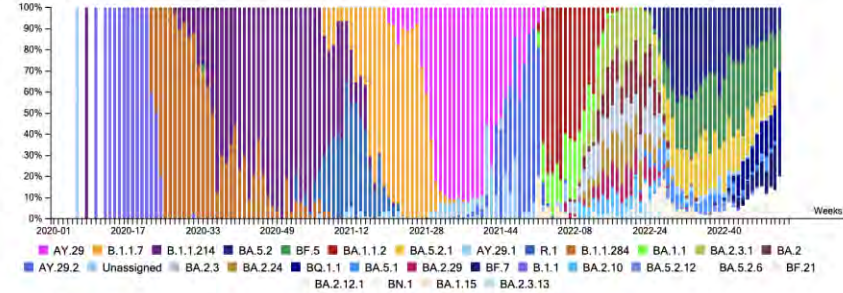
神奈川県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



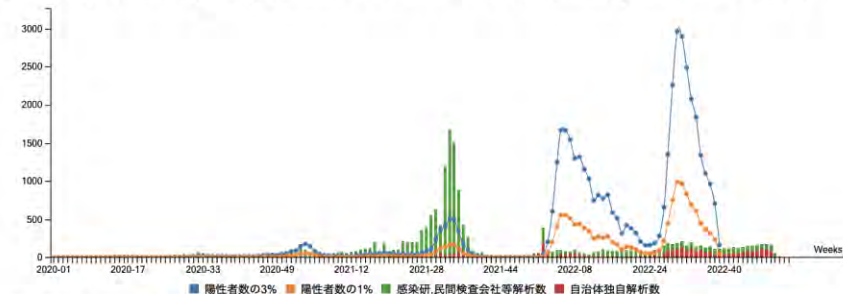
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

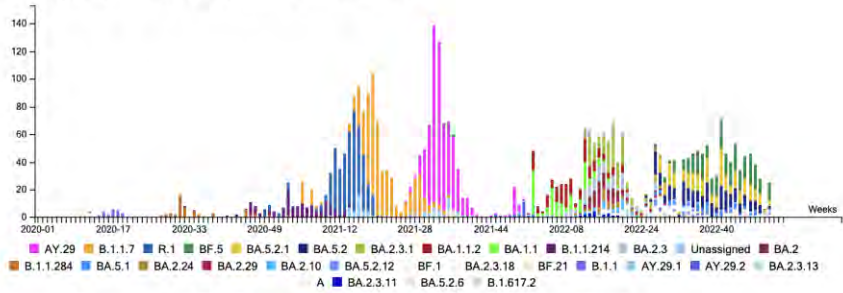
[Asia/Japan/Kanagawa] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

新潟県

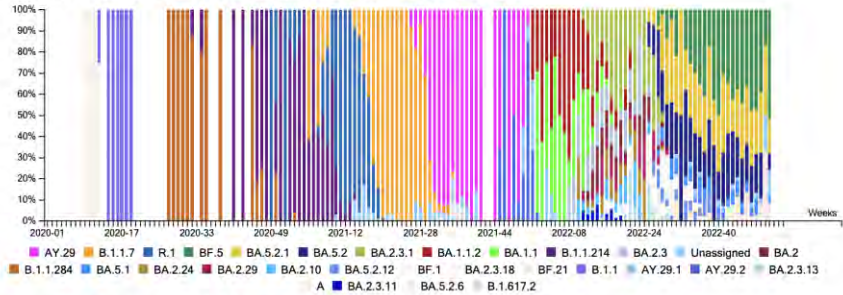
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

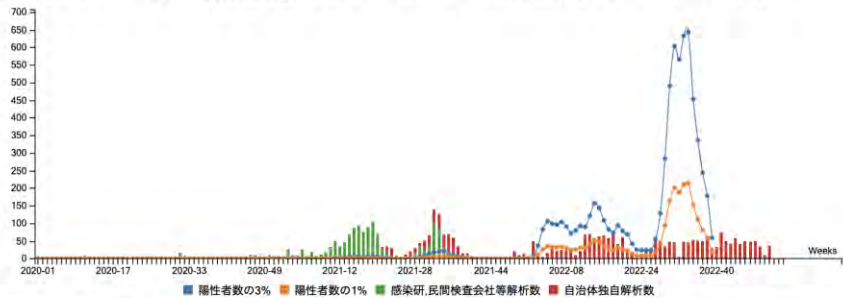
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

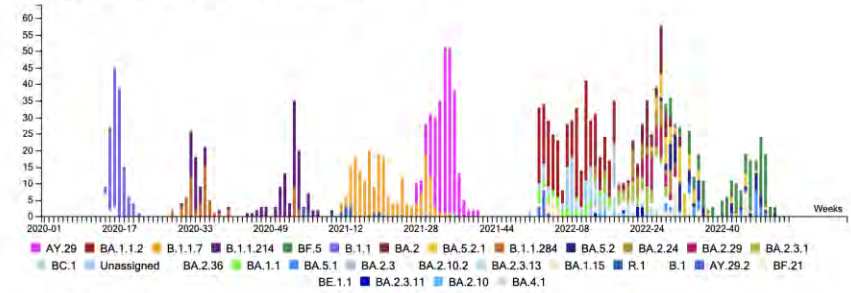


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

富山県

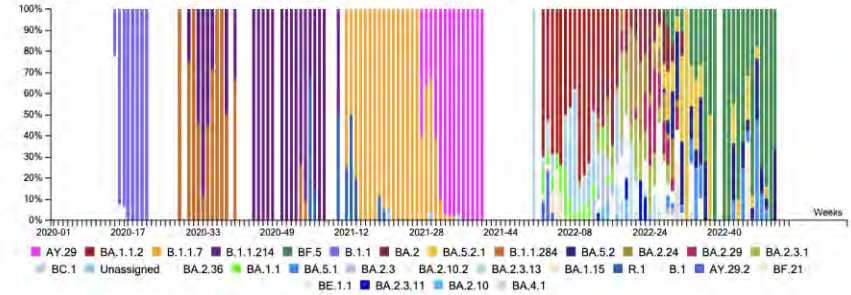
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

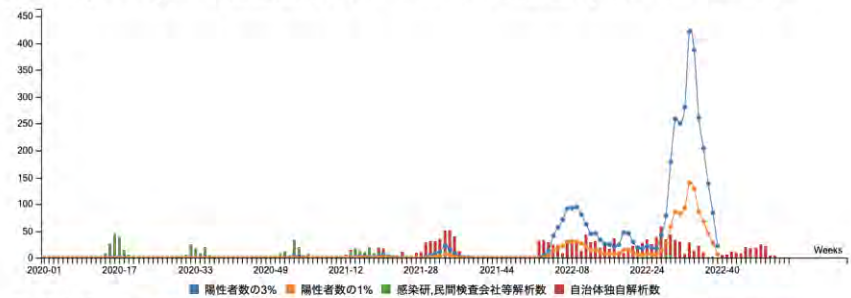
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

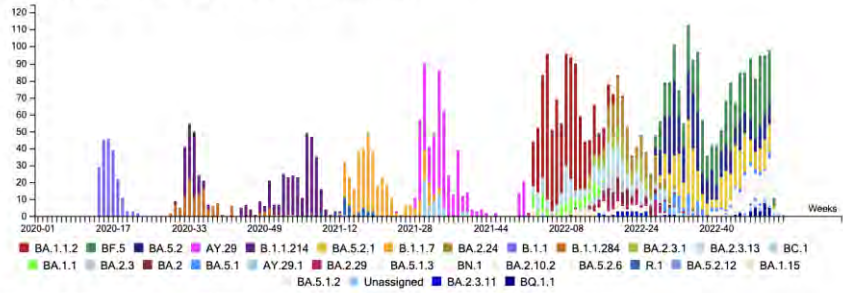


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

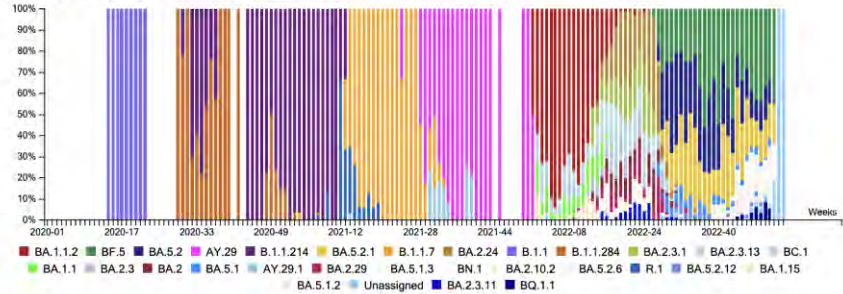
石川県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



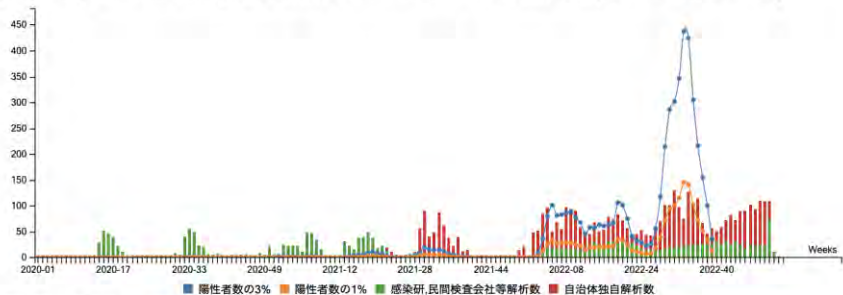
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

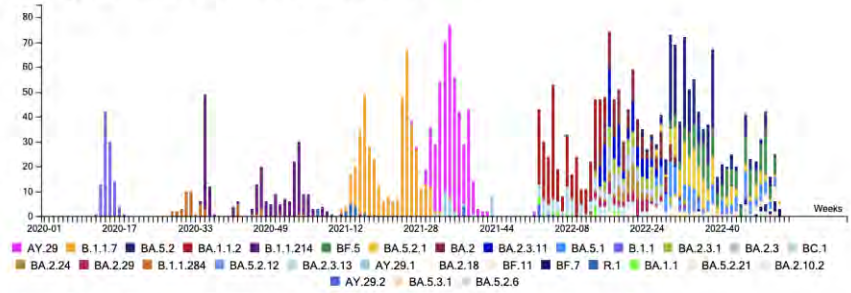
[Asia/Japan/Ishikawa] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

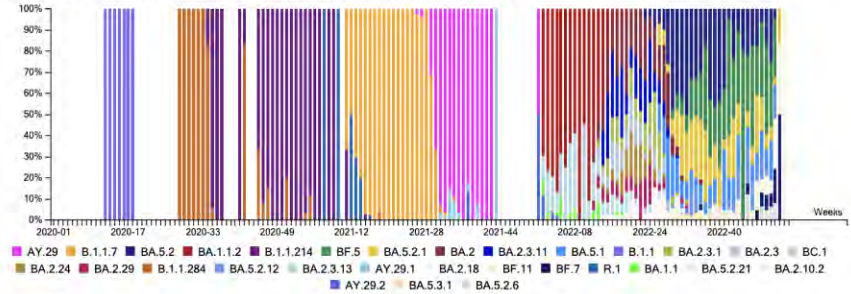
福井県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



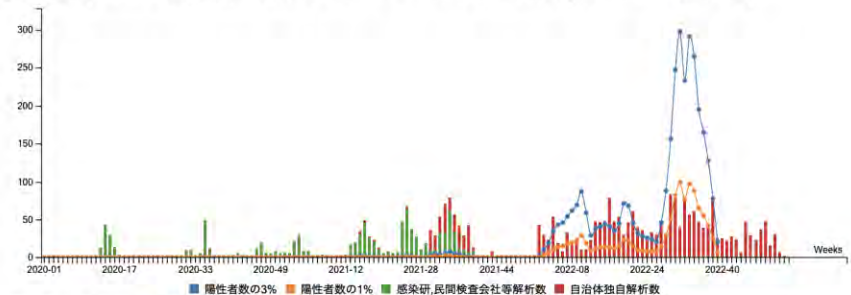
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

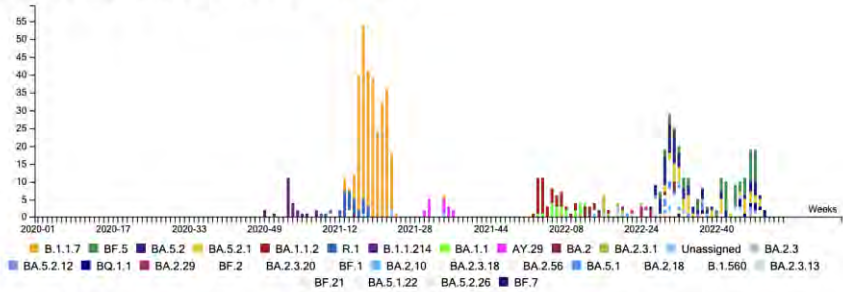
[Asia/Japan/Fukui] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

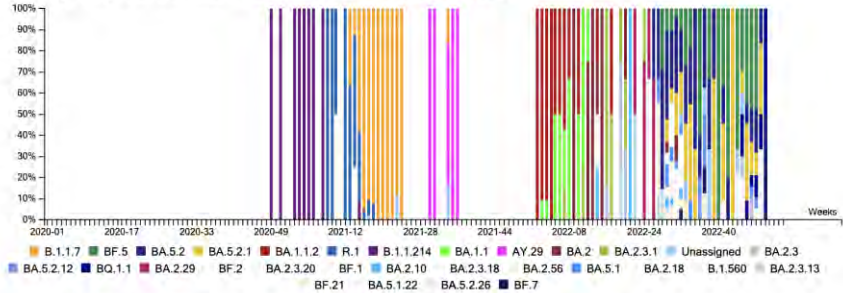
山梨県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



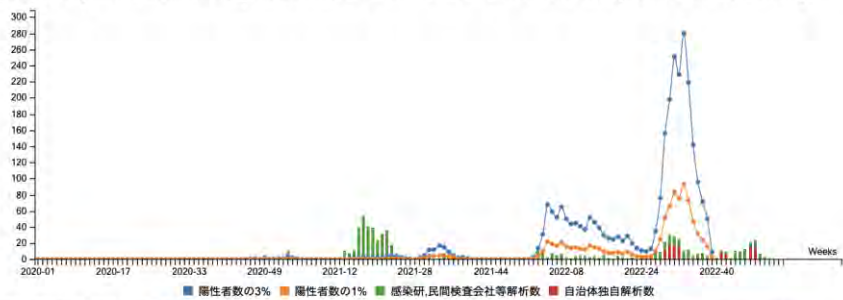
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

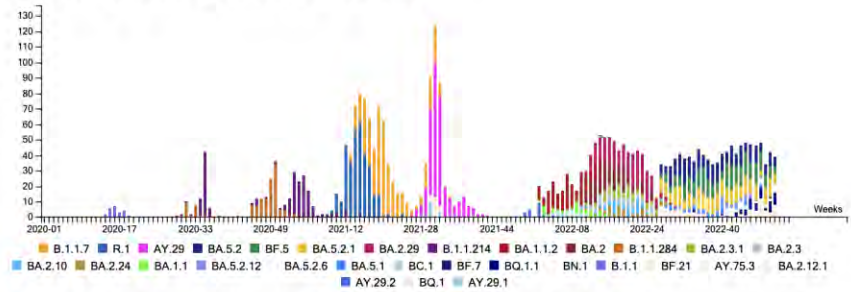
[Asia/Japan/Yamanashi] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

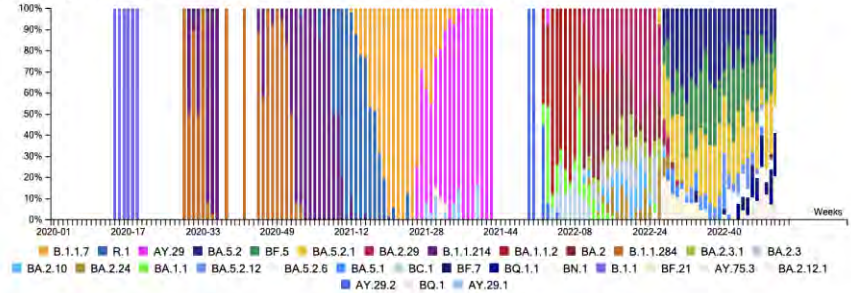
長野県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



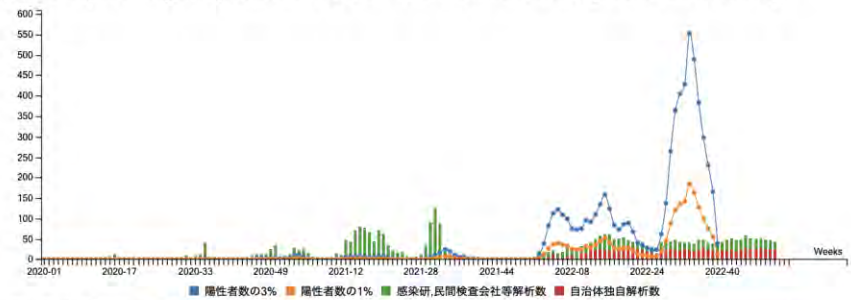
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

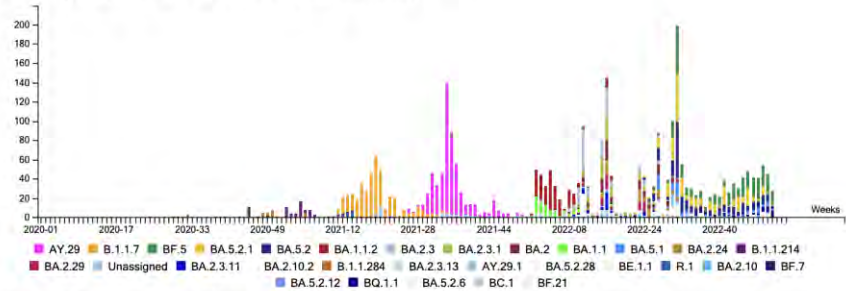
[Asia/Japan/Nagano] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

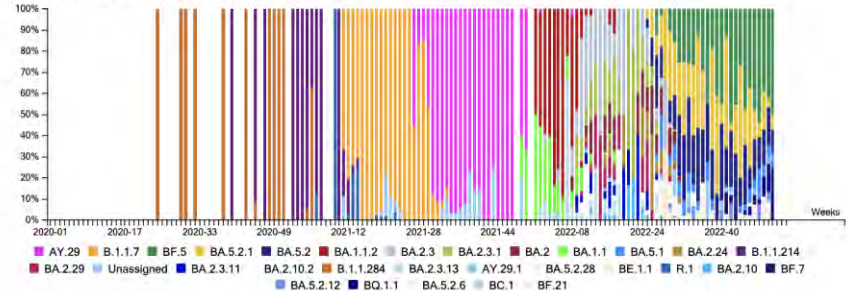
岐阜県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



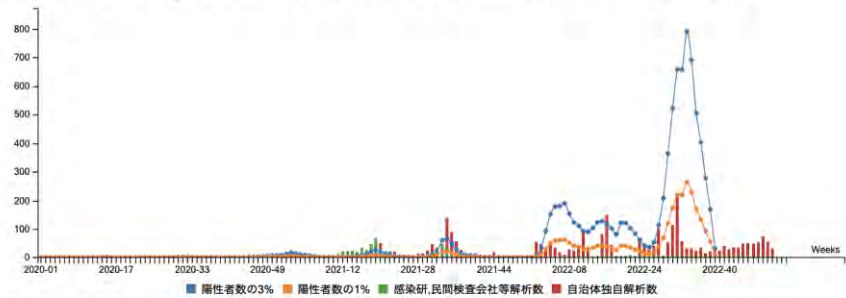
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

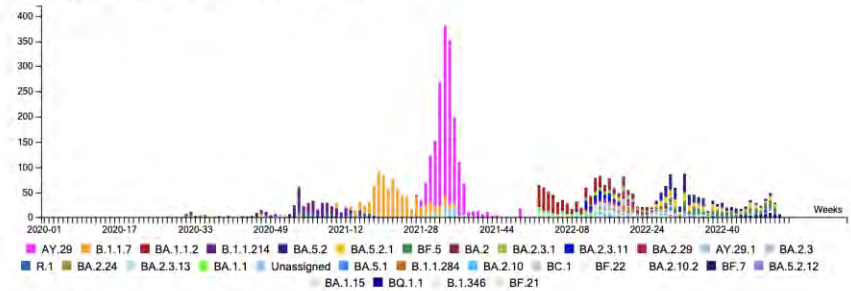
[Asia/Japan/Gifu] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

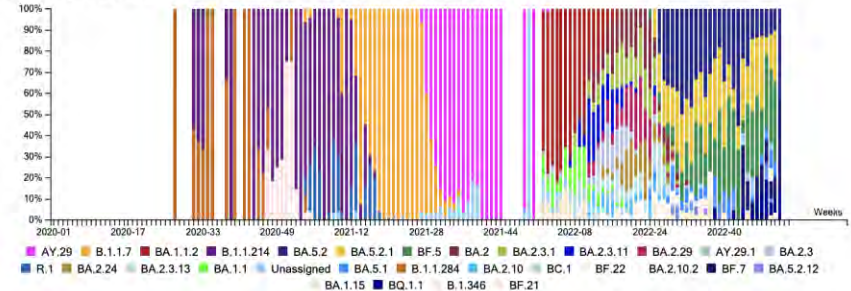
静岡県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



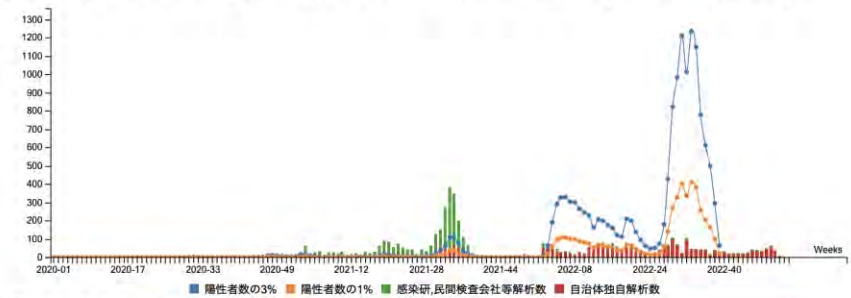
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

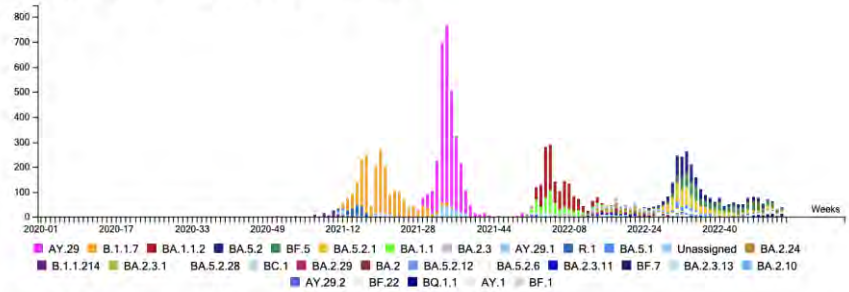
[Asia/Japan/Shizuoka] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

愛知県

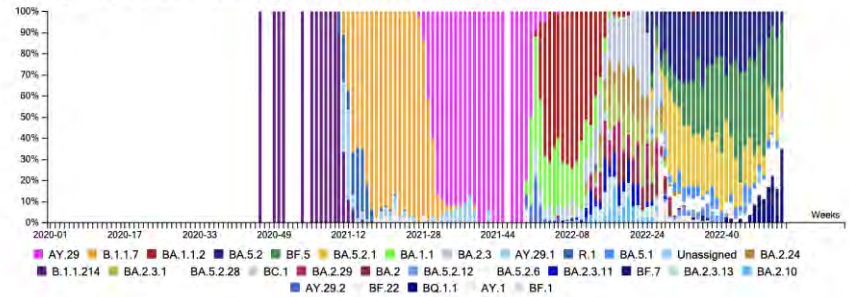
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

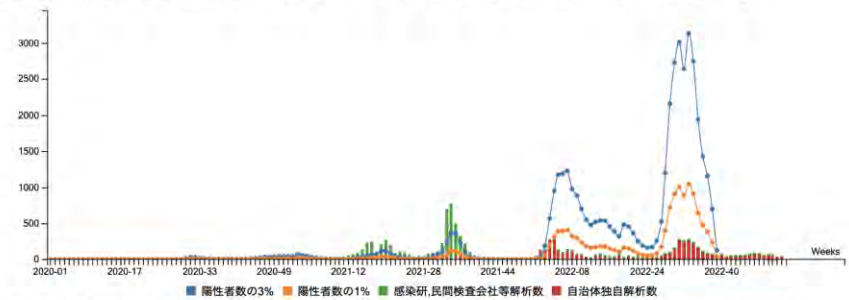
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

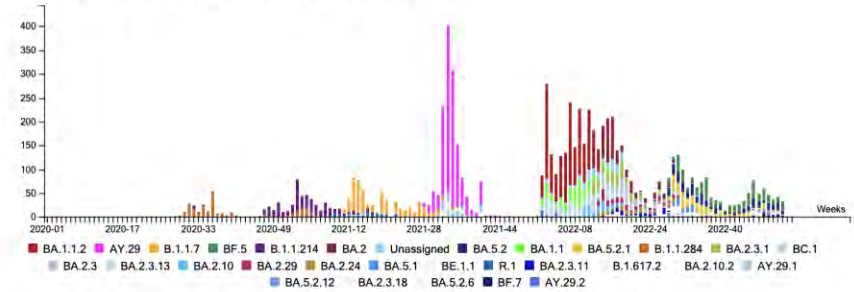


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

三重県

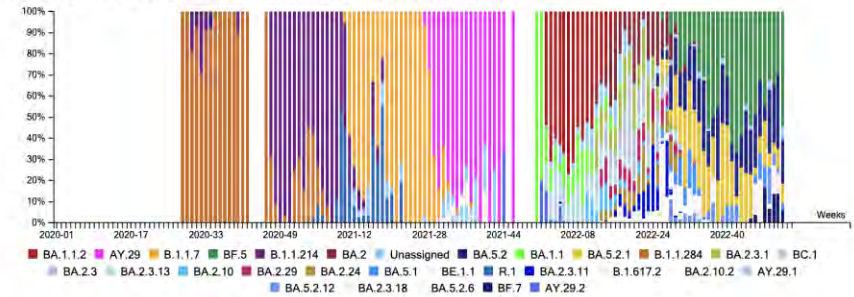
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

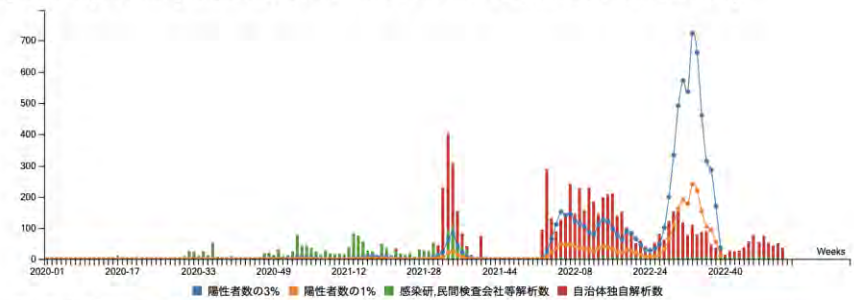
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

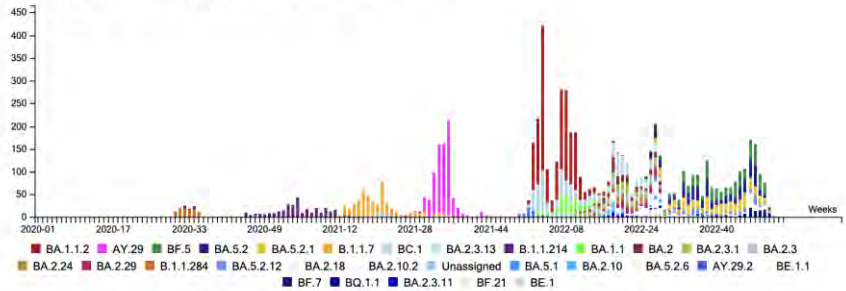


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

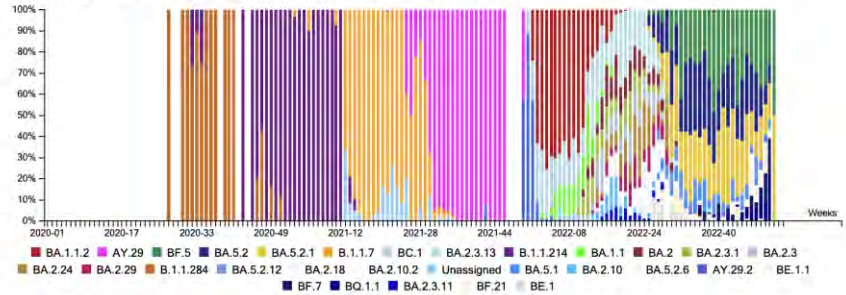
滋賀県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



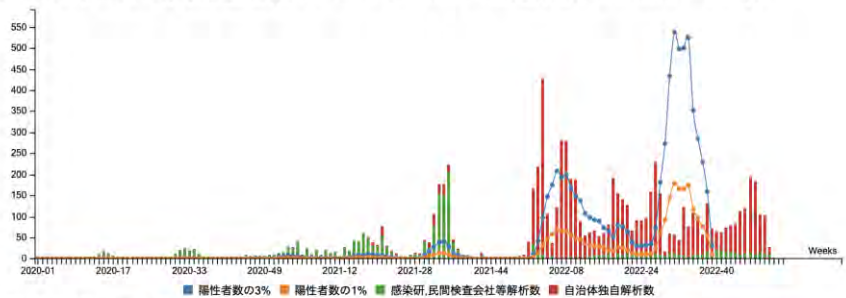
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

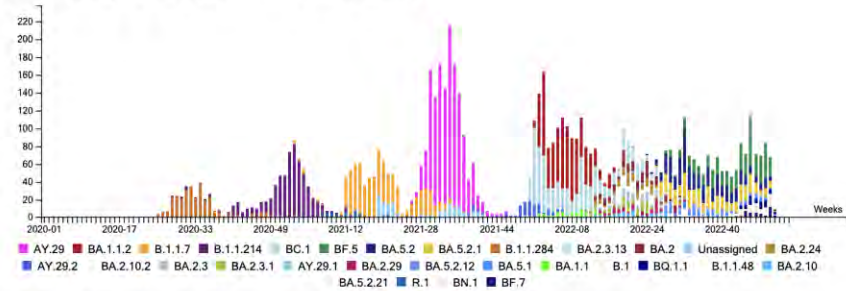
[Asia/Japan/Shiga] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

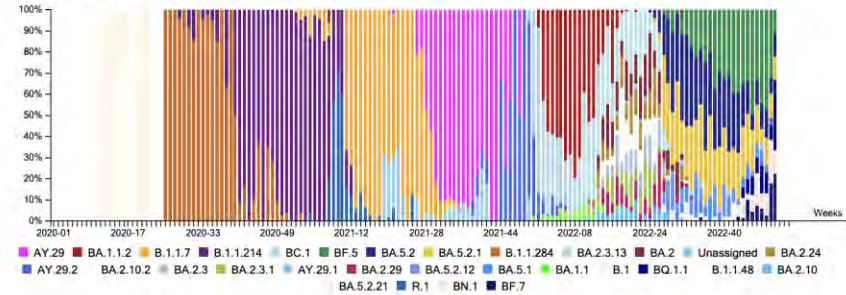
京都府

Weekly Top 30 Graph (count each week)



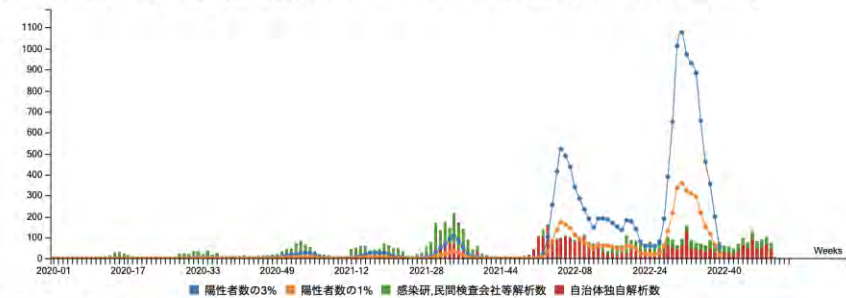
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

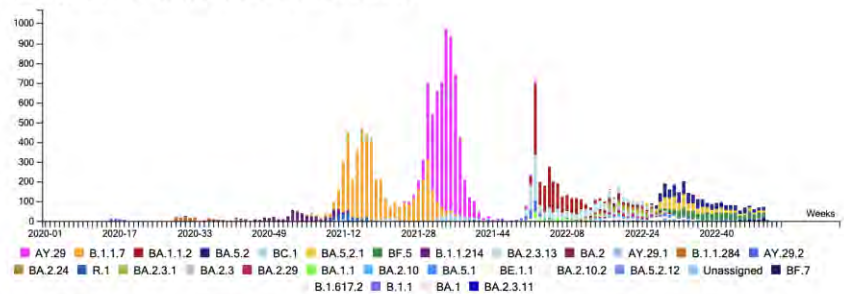
[Asia/Japan/Kyoto] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

大阪府

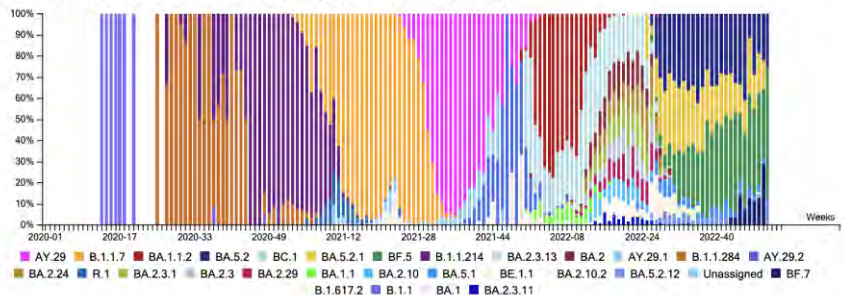
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

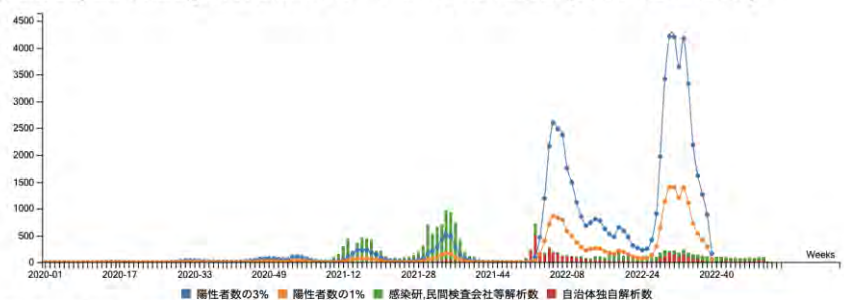
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

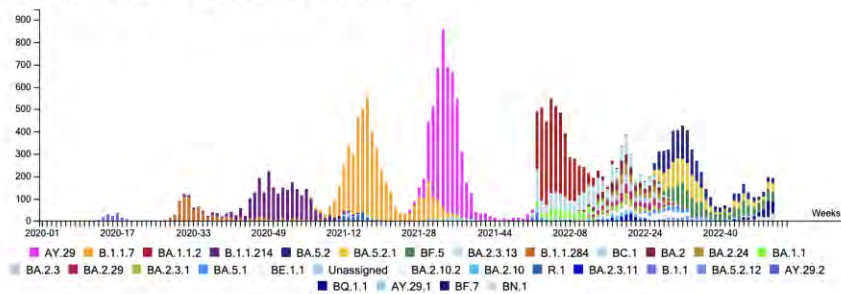


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

兵庫県

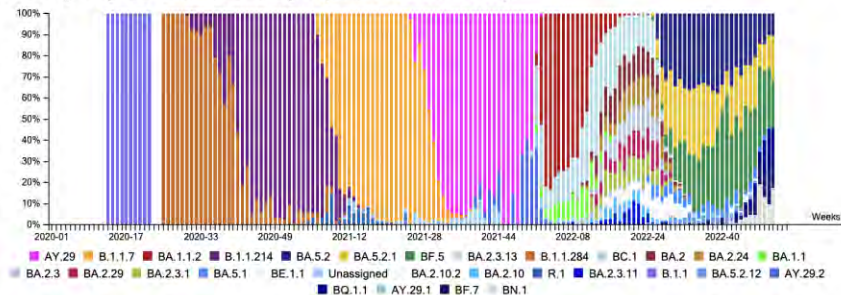
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

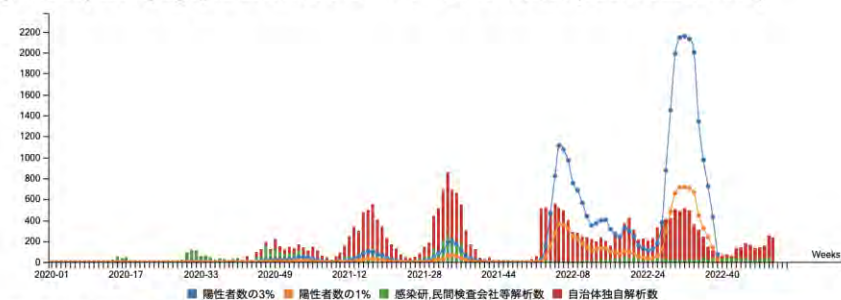
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

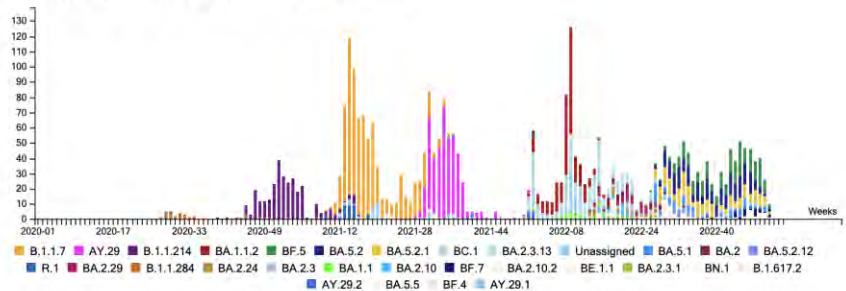


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

奈良県

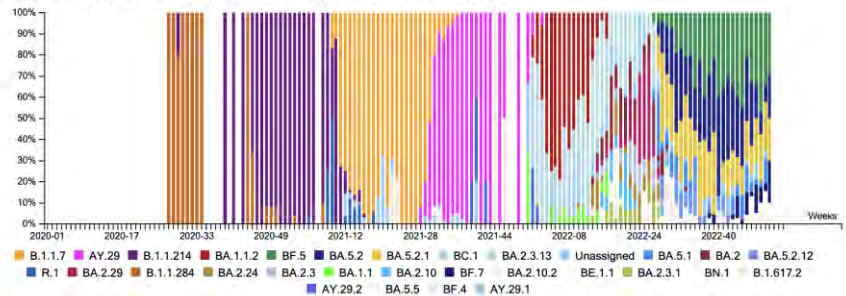
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

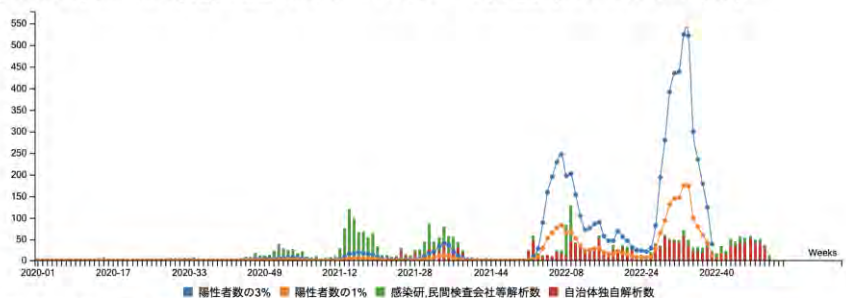
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

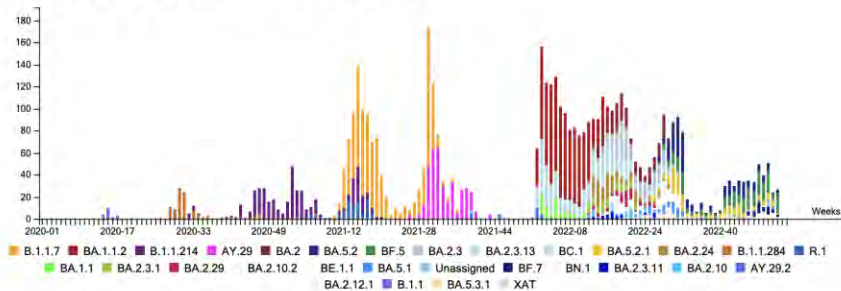


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

和歌山県

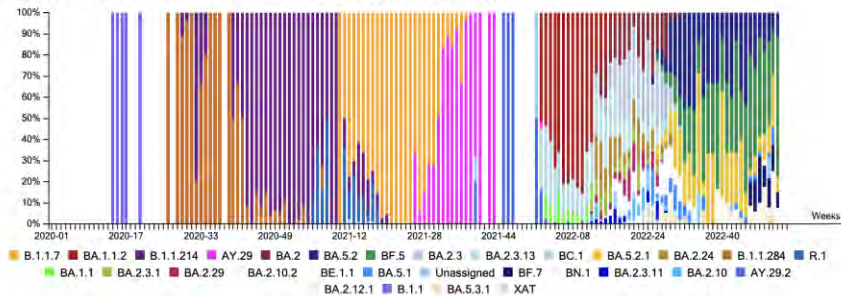
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

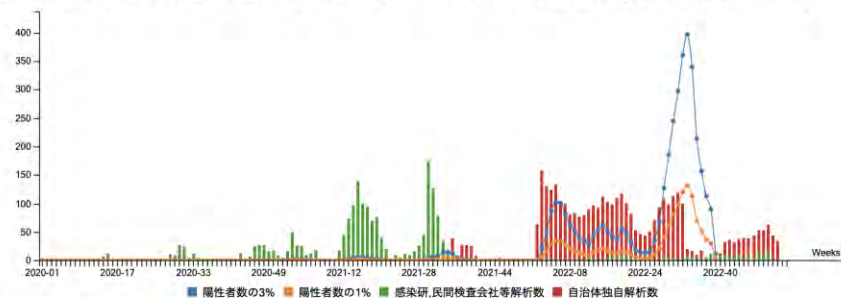
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

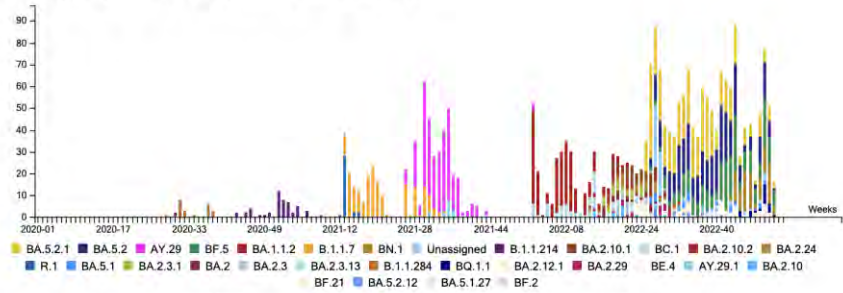


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

鳥取県

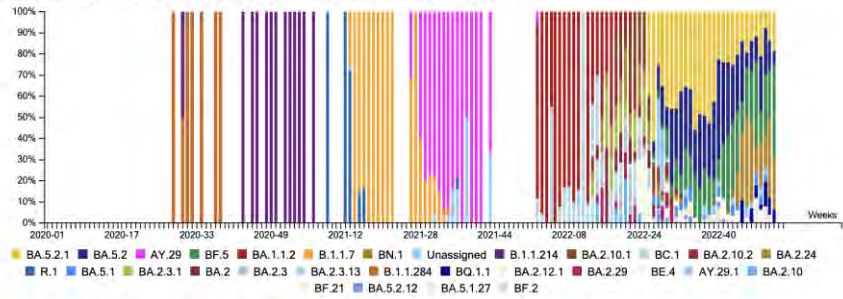
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

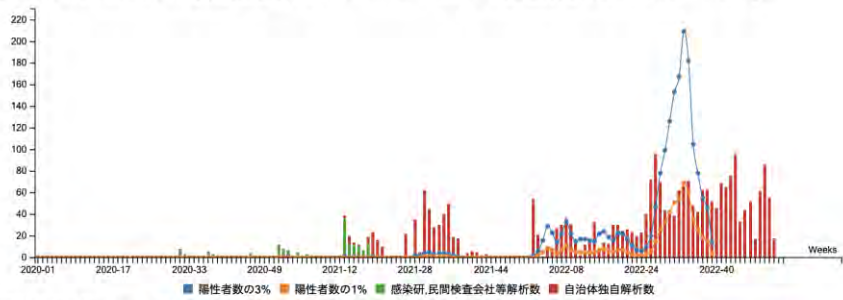
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

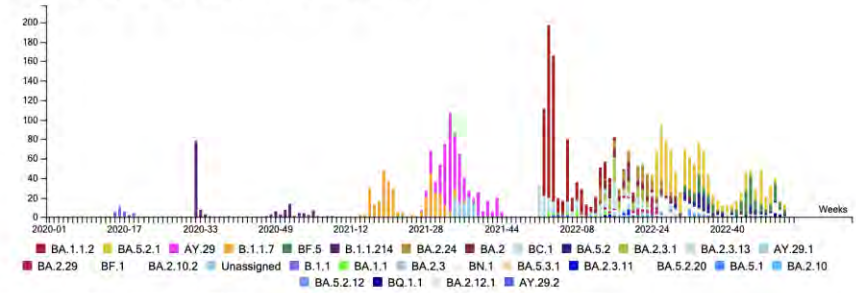


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

島根県

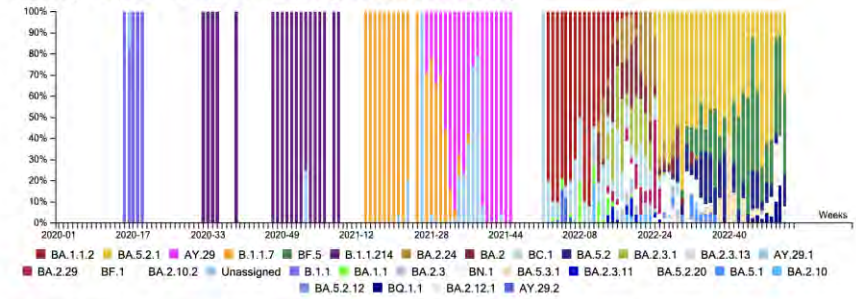
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

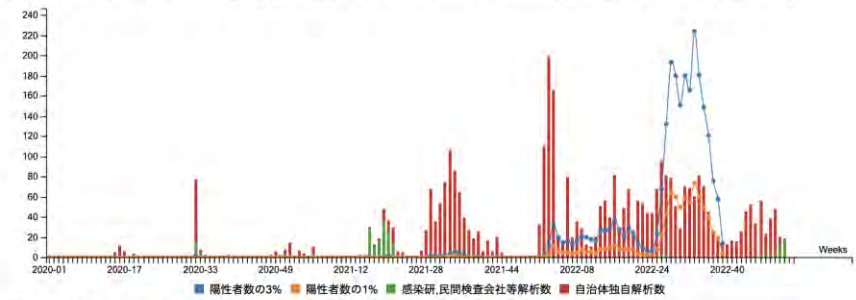
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

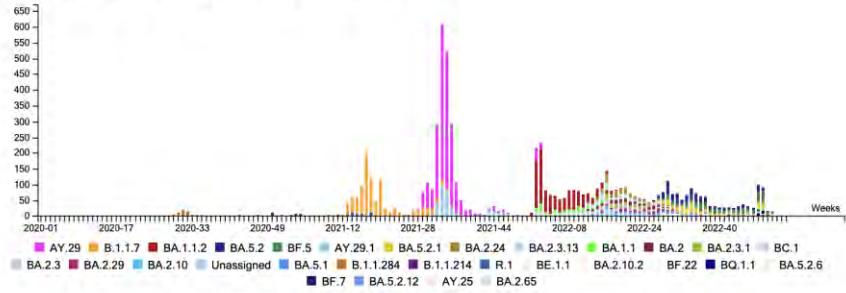


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

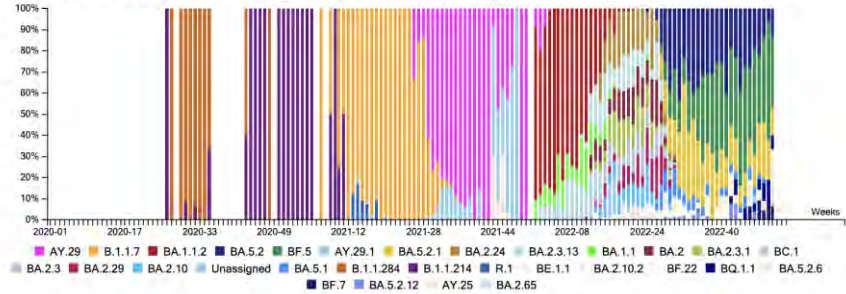
岡山県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



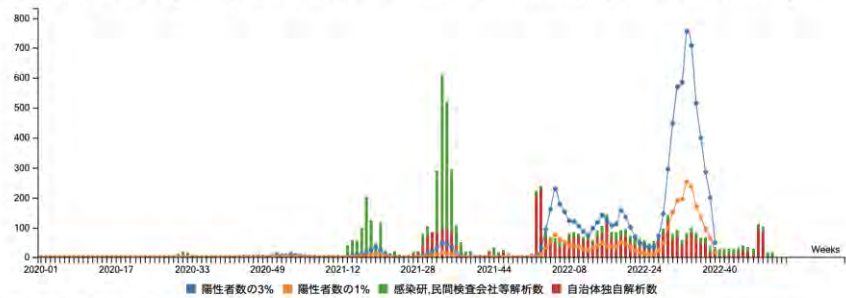
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

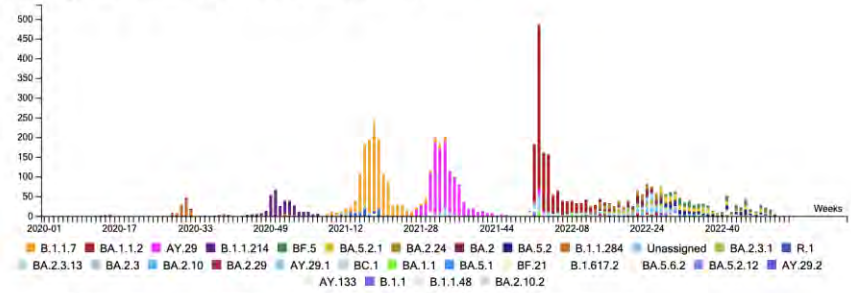
[Asia/Japan/Okayama] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

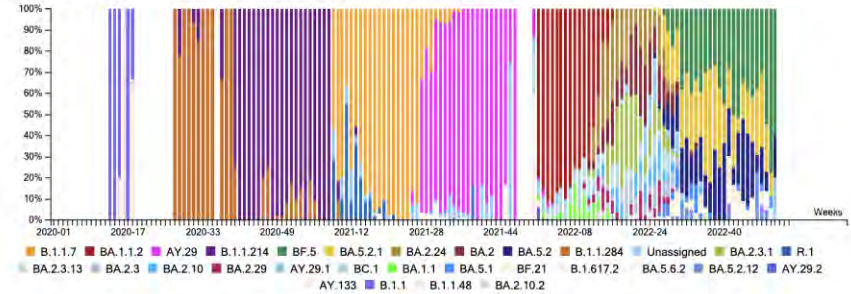
広島県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



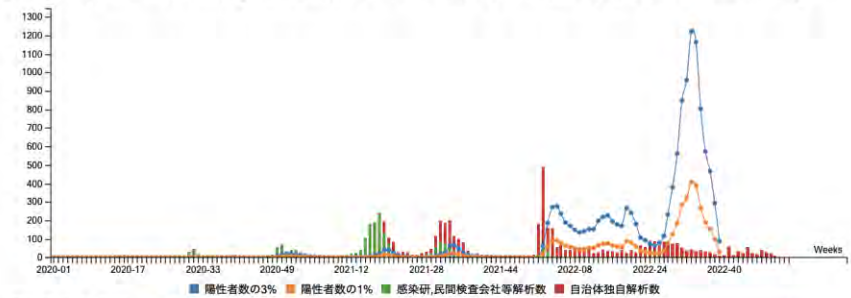
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

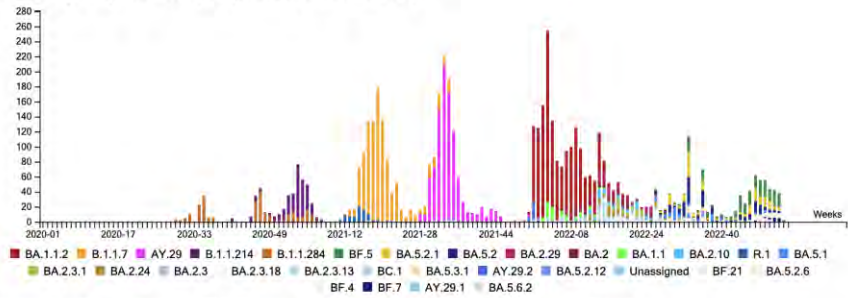
[Asia/Japan/Hiroshima] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

山口県

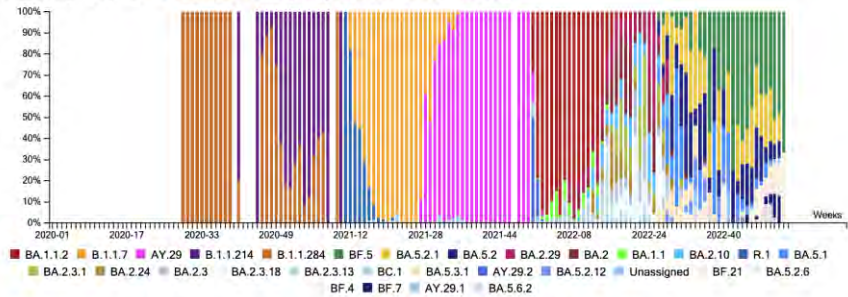
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

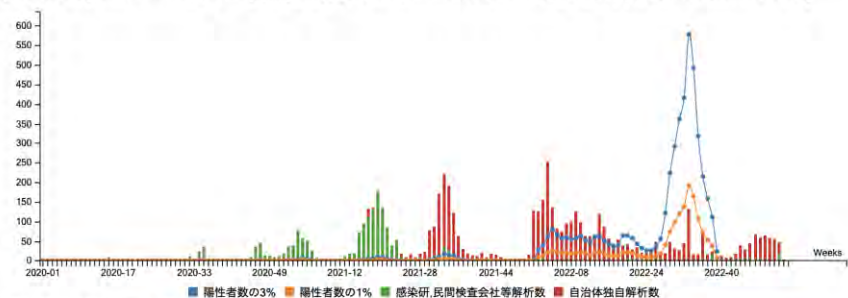
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

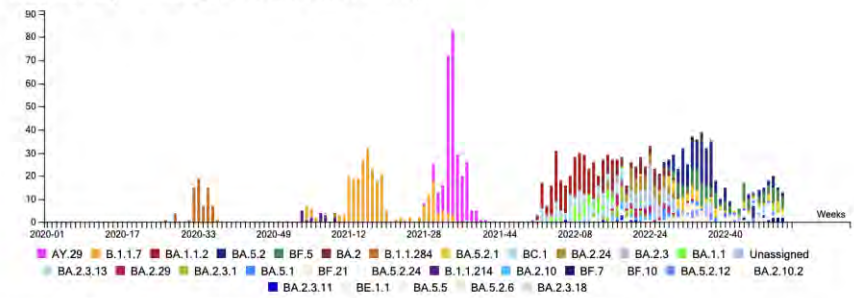


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

徳島県

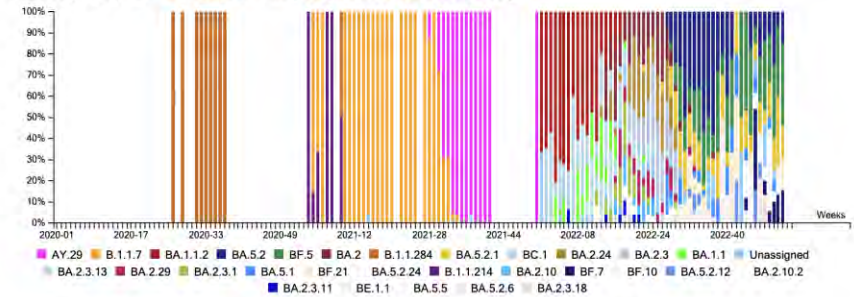
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

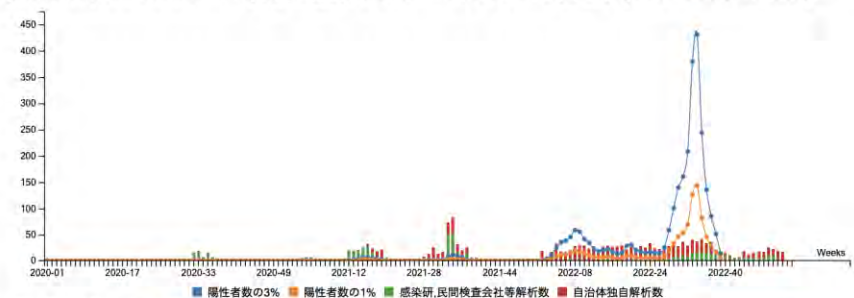
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

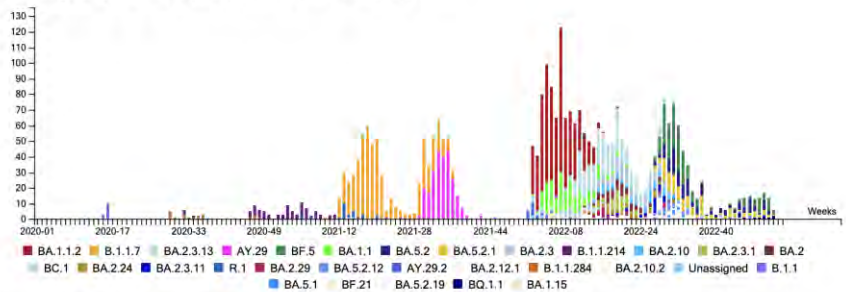


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

香川県

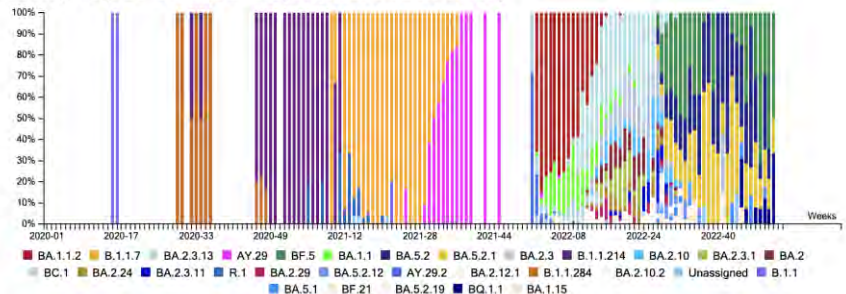
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

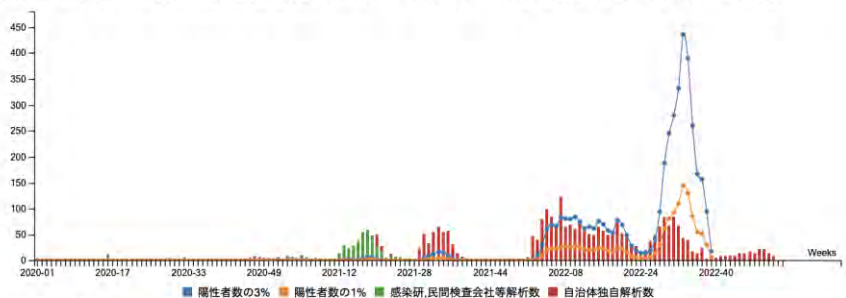
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

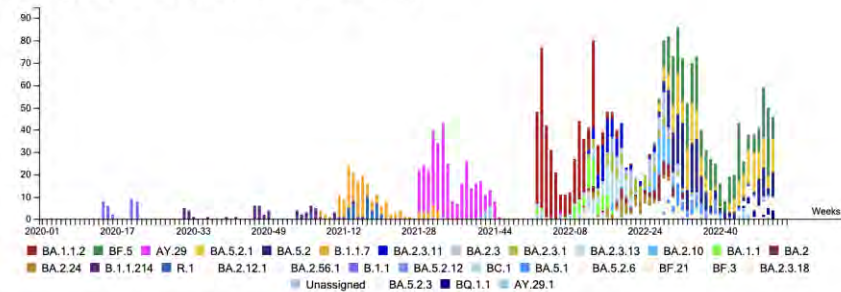


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

愛媛県

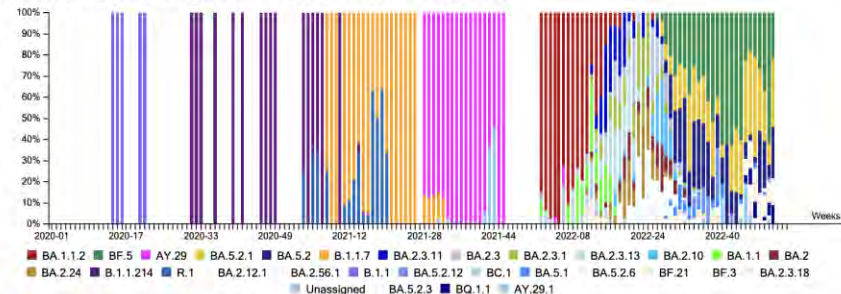
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

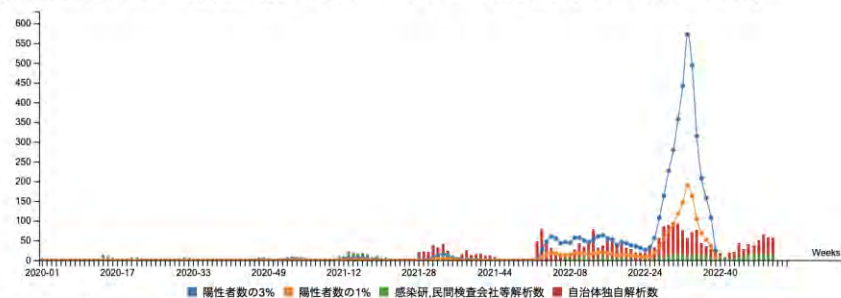
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

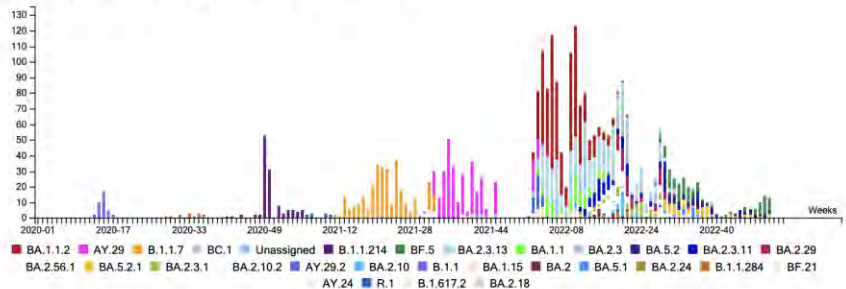


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

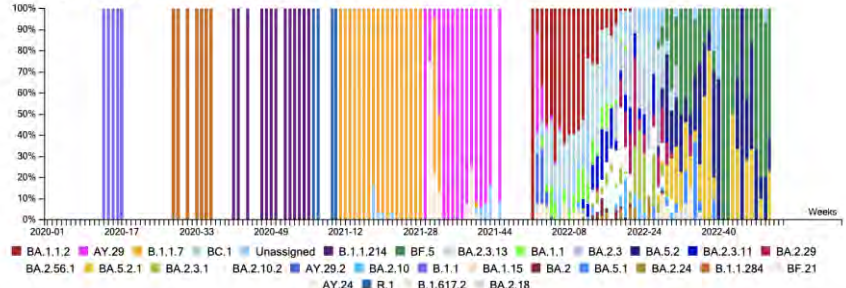
高知県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



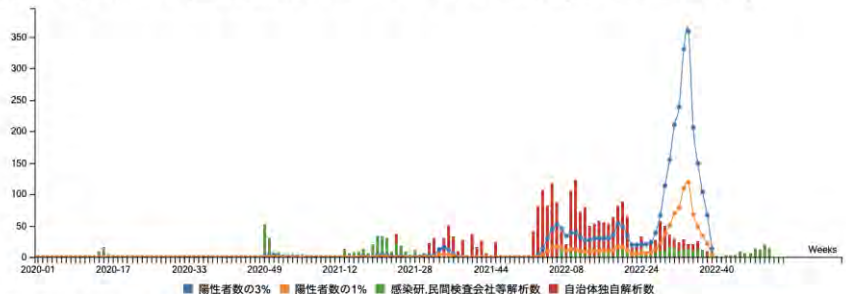
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

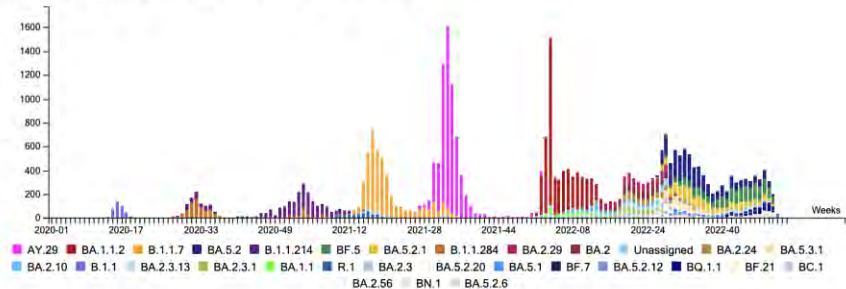
[Asia/Japan/Kochi] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

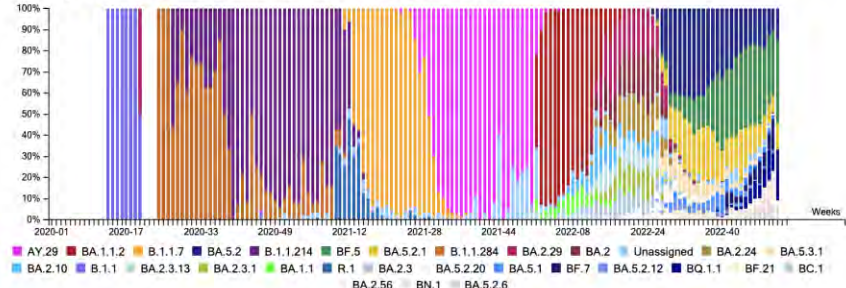
福岡県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



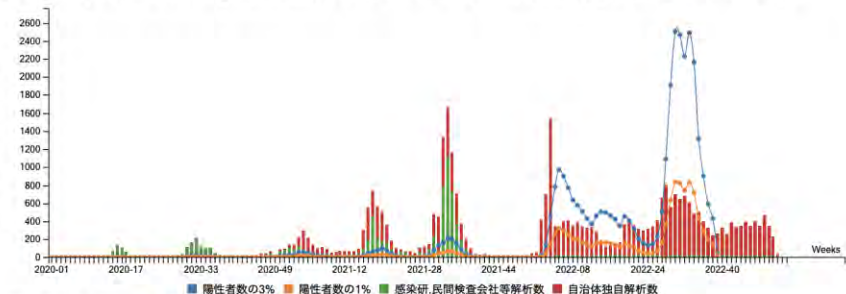
Unassigned: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

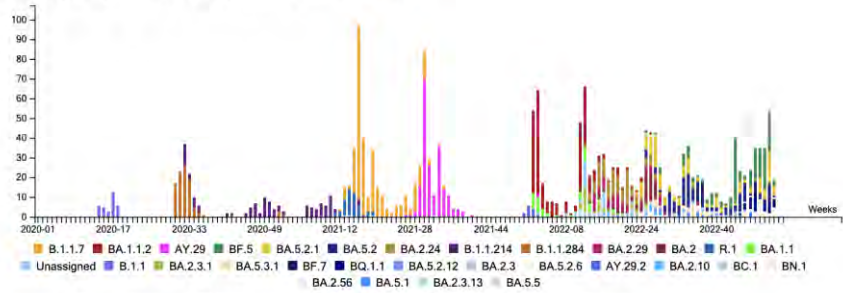
[Asia/Japan/Fukuoka] 陽性者数の3%・1% / ゲノム確定数 (count each week)



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

佐賀県

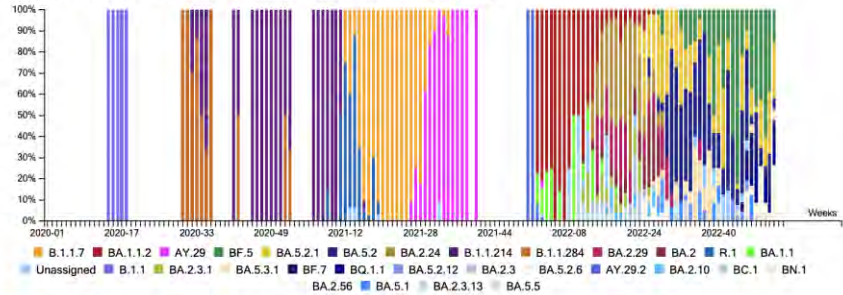
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

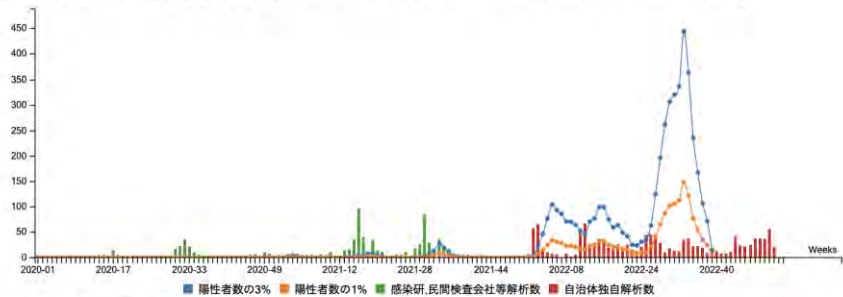
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

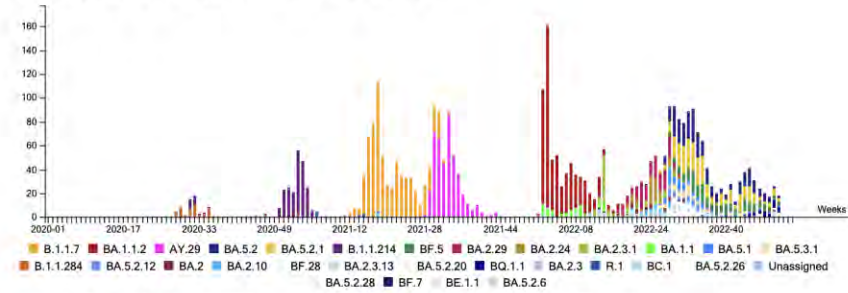


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

長崎県

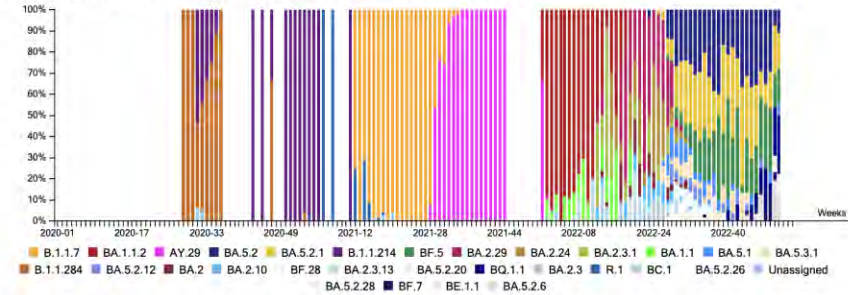
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

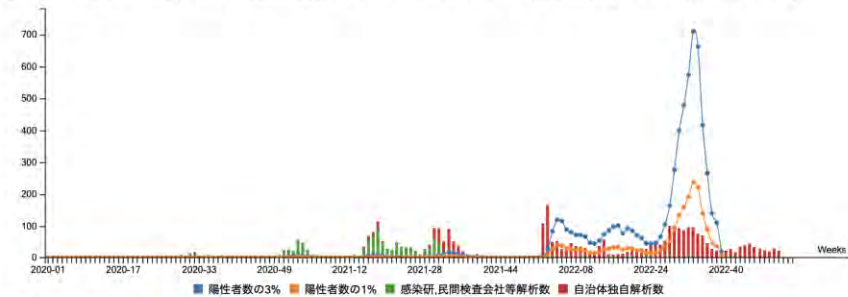
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

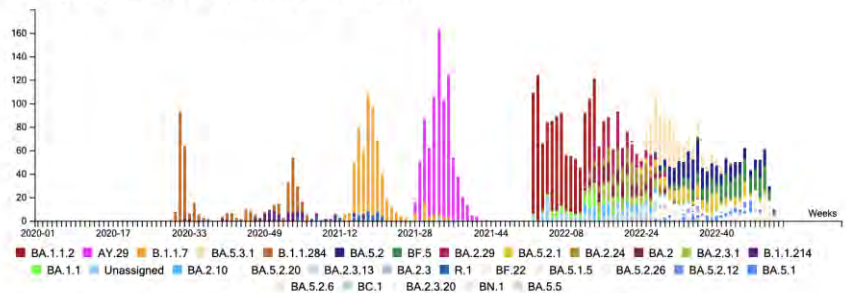


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

熊本県

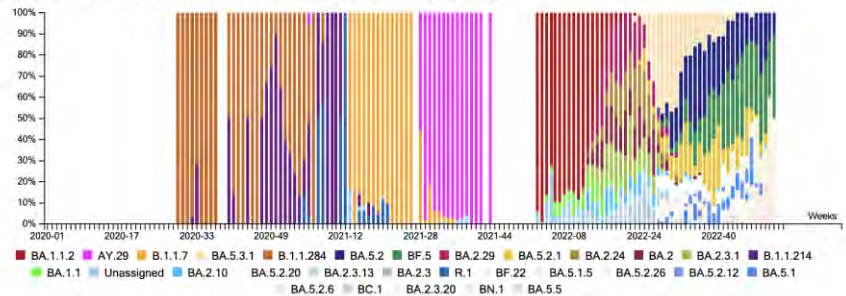
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

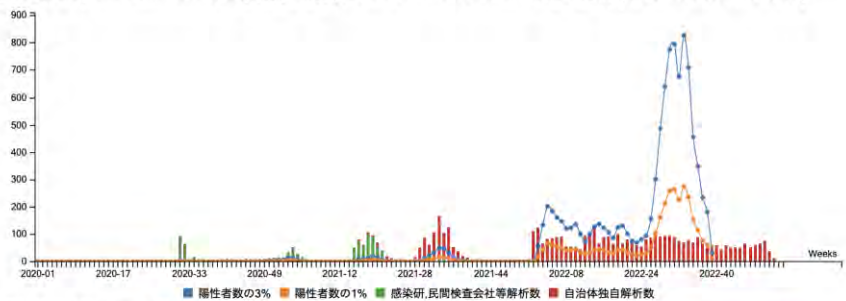
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

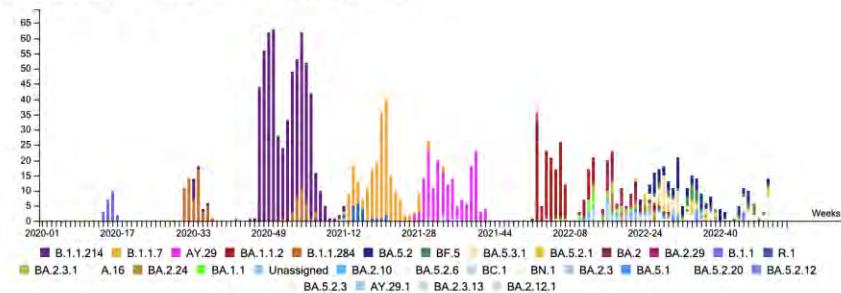


[陽性者数の計算について (集計元) 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>]

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

大分県

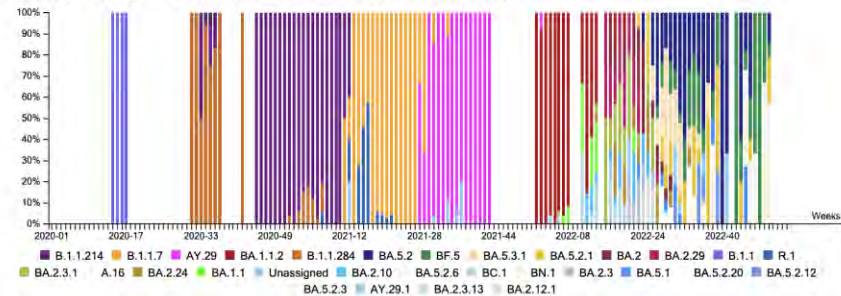
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

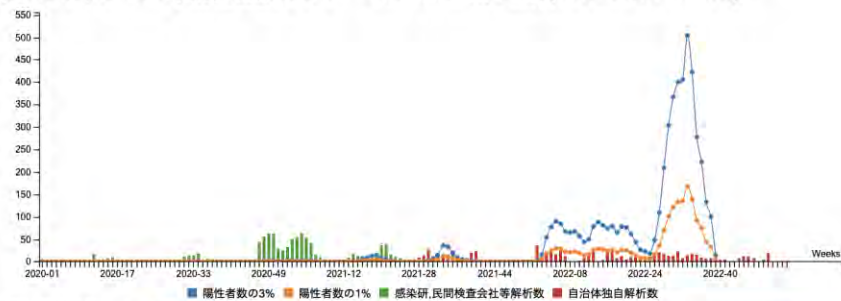
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

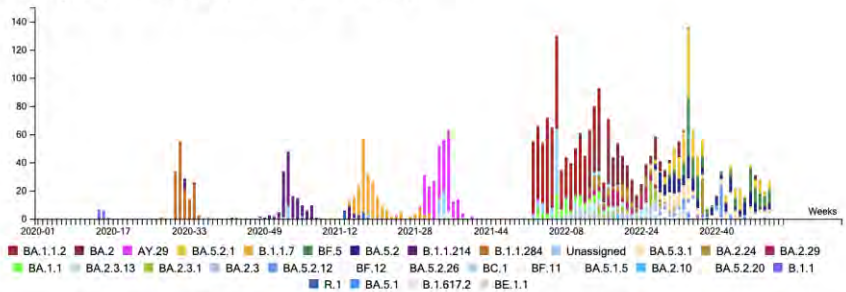


[陽性者数の計算について (集計元) 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>]

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

宮崎県

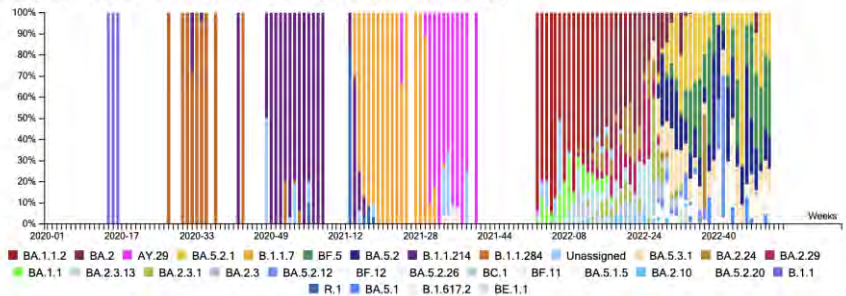
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

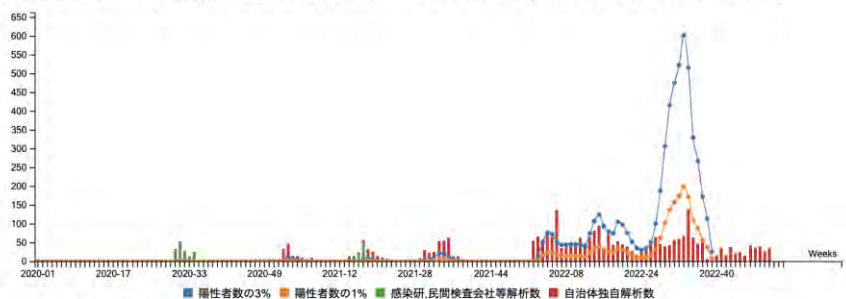
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

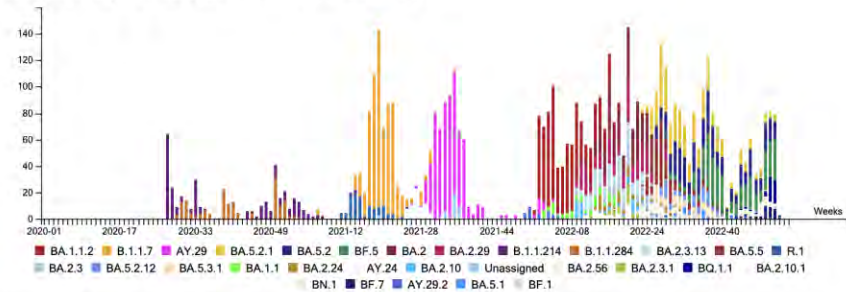


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

鹿児島県

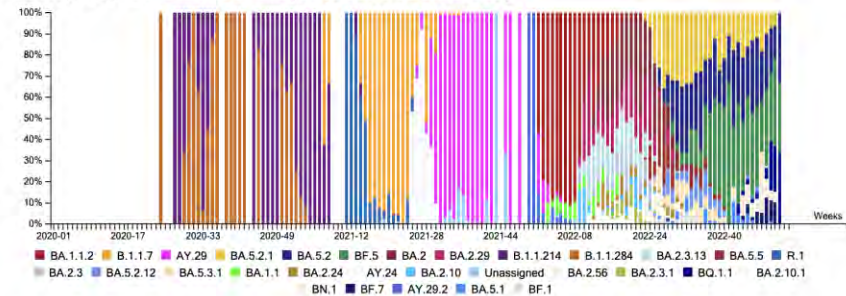
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

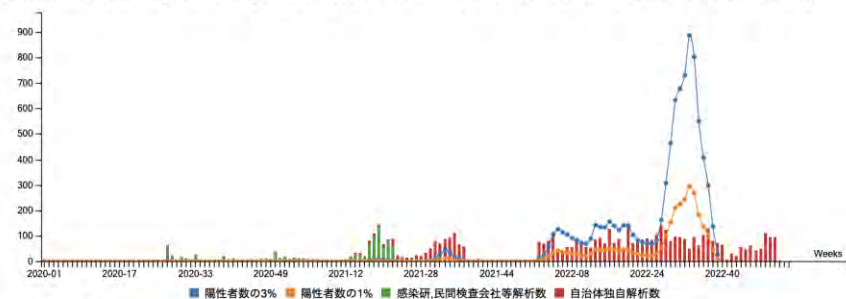
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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

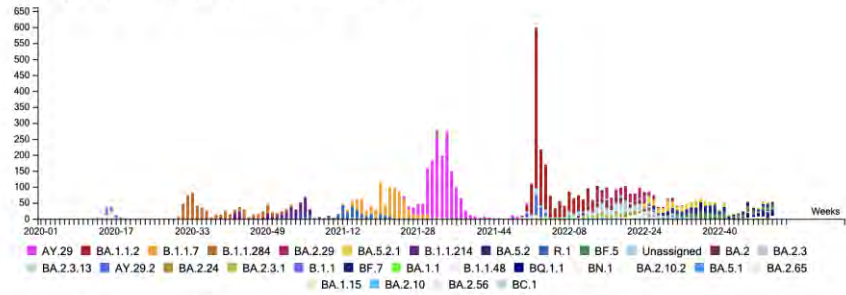


[陽性者数の計算について (集計元)] 情報:NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

沖縄県

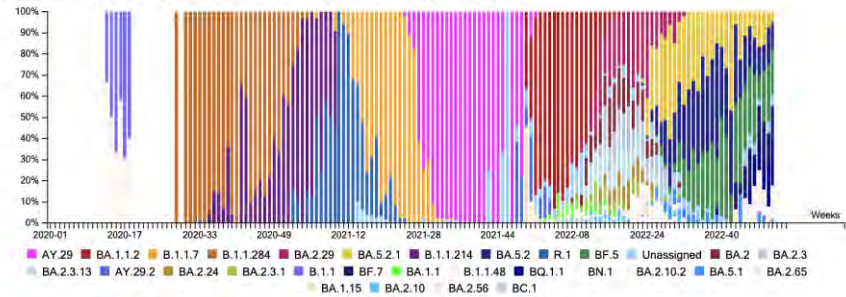
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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)

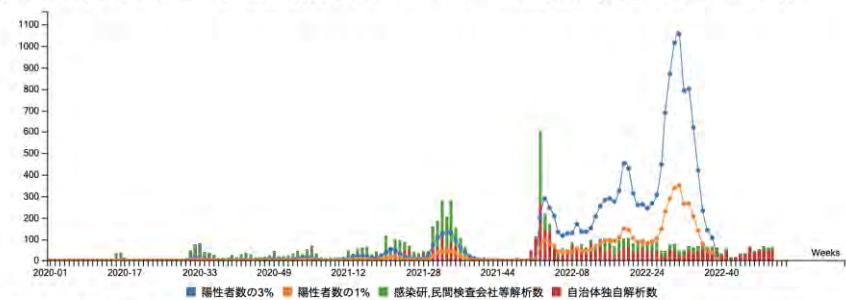
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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/spécial/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。