

# 新型コロナウイルス感染症（変異株）への対応



厚生労働省 新型コロナウイルス感染症対策推進本部

Ministry of Health, Labour and Welfare

# 新型コロナウイルス感染症（変異株）のまとめ

一般的にウイルスは増殖や感染を繰り返す中で少しずつ変異していくものであり、新型コロナウイルスも約2週間で一箇所程度の速度で変異していると考えられている。

国立感染症研究所は、こうした変異をリスク分析し、その評価に応じて、変異株を「懸念される変異株（VOC）」と「注目すべき変異株（VOI）」に分類※1している。

## 1. 懸念される変異株（Variant of Concern : VOC）

主に感染性や重篤度が増す・ワクチン効果を弱めるなど性質が変化した可能性のある株

- B.1.1.7系統の変異株（アルファ株）※2
- B.1.351系統の変異株（ベータ株）
- P.1系統の変異株（ガンマ株）
- B.1.617.2系統の変異株（デルタ株）

## 2. 注目すべき変異株（Variant of Interest : VOI）

主に感染性や重篤度・ワクチン効果などに影響を与える可能性が示唆される株

- B.1.617.1系統の変異株（カッパ株）

※1 国立感染症研究所では、WHOと同様に、変異株をVOCとVOIに分類している。国内での検出状況等を加味することから、分類は各国によって異なる。※2 PANGO系統(pango lineage)は、新型コロナウイルスに関して用いられる国際的な系統分類命名法であり、変異株の呼称として広く用いられている。括弧内の変異株名は、WHOラベルである。

# 新型コロナウイルスの懸念される変異株（VOC）

PANGO系統 (WHOラベル)	最初の 検出	主な 変異	感染性 (従来株比)	重篤度 (従来株比)	再感染やワクチン 効果 (従来株比)
B.1.1.7系統の変異株 (アルファ株)	2020年9月 英国	N501Y	1.32倍と推定※ (5～7割程度 高い可能性)	1.4倍 (40-64歳 1.66倍) と推定※ (入院・死亡リスクが高い 可能性)	効果に影響がある 証拠なし
B.1.351 系統の変異株 (ベータ株)	2020年5月 南アフリカ	N501Y E484K	5割程度高い 可能性	入院時死亡リスク が高い可能性	効果を弱める 可能性
P.1系統の変異株 (ガンマ株)	2020年11月 ブラジル	N501Y E484K	1.4-2.2倍高い 可能性	入院リスクが高い 可能性	効果を弱める可能性 従来株感染者の再感染 事例の報告あり
B.1.617.2系統 の変異株 (デルタ株)	2020年10月 インド	L452R	高い可能性 (アルファ株の1.5倍 高い可能性)	入院リスクが高い 可能性	ワクチンと抗体医薬の 効果を弱める可能性

※感染性・重篤度は、国立感染症研究所等による日本国内症例の疫学的分析結果に基づくもの。ただし、重篤度について、本結果のみから変異株の重症度について結論づけることは困難。  
 ※PANGO系統(PANGO Lineage)は、新型コロナウイルスに関して用いられる国際的な系統分類命名法であり、変異株の呼称として広く用いられている。括弧内の変異株名は、WHOラベルである。

# 新型コロナウイルスの注目すべき変異株（VOI）

PANGO系統 (WHOラベル)	最初の 検出	主な 変異	概要
B.1.617.1系統の変異株 (カッパ株)	2020年10月 インド	L452R E484Q	<ul style="list-style-type: none"><li>感染性の増加と治療薬（抗体医薬）の効果への影響が示唆されている</li><li>引き続き、ゲノムサーベイランスを通じて実態を把握</li></ul>

※件数は暫定値であり、その時点において最新のpango lineageを基に計上しているものであるため、再集計した際に数値が変動する可能性がある。

※PANGO系統(pango lineage)は、新型コロナウイルスに関して用いられる国際的な系統分類命名法であり、変異株の呼称として広く用いられている。括弧内の変異株名は、WHOラベルである。

## 国内におけるSARS-CoV-2のゲノム解析

累積:62,861 (8/16時点) (+1,296) 括弧内は8/9時点比

都道府県別・空港等検疫の累積：北海道2,265、青森県109、岩手県380、宮城県1,607、秋田県216、山形県244、福島県1,300、茨城県1,917、栃木県1,350、群馬県752、埼玉県3,347、千葉県2,954、東京都855、神奈川県2,553、新潟県904、富山県551、石川県1,137、福井県738、山梨県329、長野県1,104、岐阜県354、静岡県1,108、愛知県660、三重県1,181、滋賀県735、京都府1,465、大阪府2,239、兵庫県7,229、奈良県906、和歌山県1,424、鳥取県349、島根県407、岡山県660、広島県1,727、山口県1,504、徳島県206、香川県472、愛媛県348、高知県390、福岡県6,513、佐賀県572、長崎県649、熊本県1,060、大分県965、宮崎県311、鹿児島県1,289、沖縄県1,873、空港等検疫1,653

## 国立感染症研究所等における全ゲノム解析により確認されたVOCs, VOIs

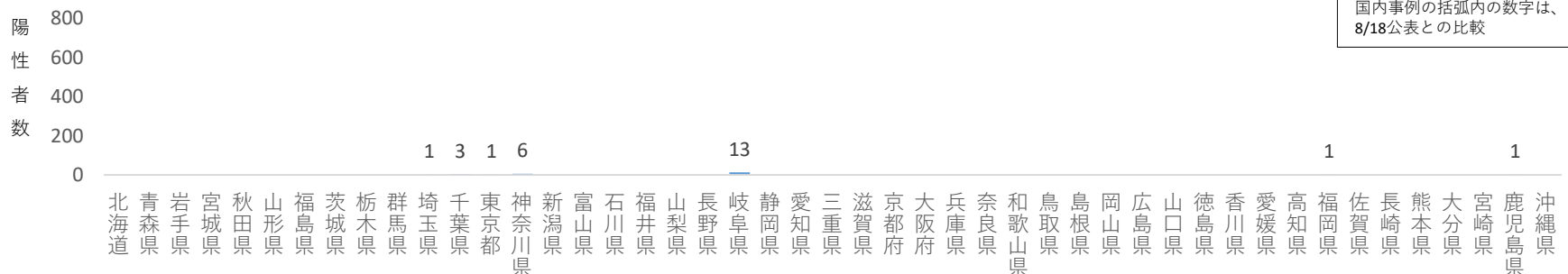
(系統のみを特定できたものも含む) (8/16時点) 括弧内は8/9時点比

B.1.1.7系統の変異株 (アルファ株)	: 国内40,815例 (+2,159例)、検疫332例 (+0例)
B.1.351系統の変異株 (ベータ株)	: 国内24例 (+1例)、検疫92例 (+1例)
P.1系統の変異株 (ガンマ株)	: 国内94例 (+0例)、検疫26例 (+0例)
B.1.617.2系統の変異株 (デルタ株)	: 国内5,614例 (+1,613例)、検疫559例 (+31例)
B.1.617.1系統の変異株 (カッパ株)	: 国内7例 (+0例)、検疫19例 (+0例)

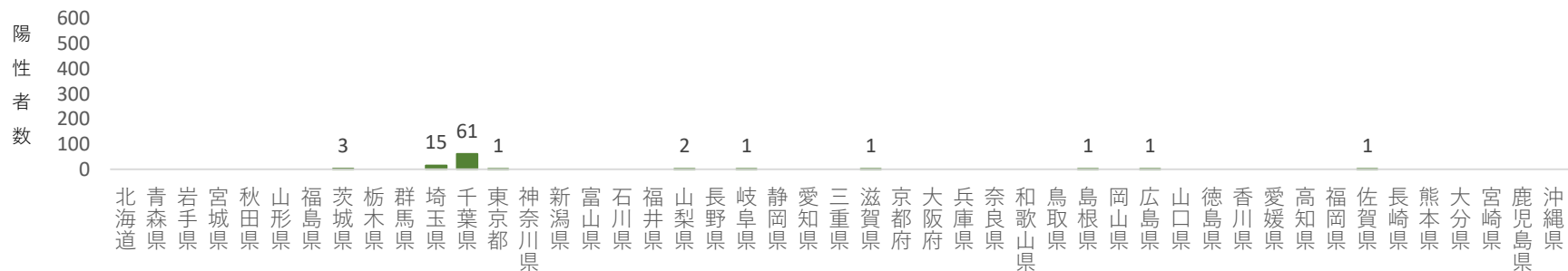
※件数は暫定値であり、その時点において最新のpango lineageを基に計上しているものであるため、再集計した際に数値が変動する可能性がある。  
※デルタ株にはB.1.617.2系統と同等の変異を有する系統 (AY.1等) が含まれる。

# 都道府県別の懸念される変異株の事例数(ゲノム解析) (HER-SYS)

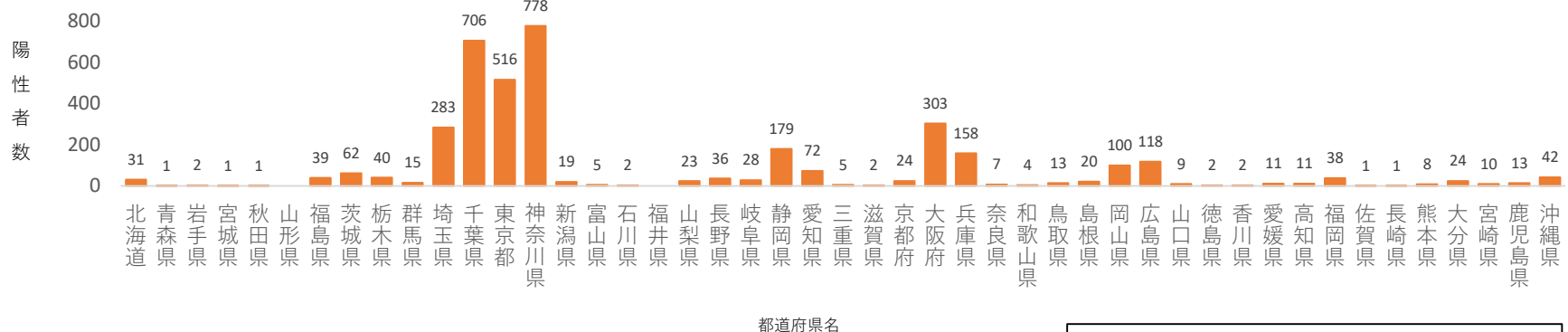
## B.1.351系統の変異株 (ベータ株) 国内事例 n=26 (+0) ※1



## P.1系統の変異株 (ガンマ株) 国内事例 n=87 (+1) ※1



## B.1.617.2系統の変異株 (デルタ株) 国内事例 n=3,765 (+1,046) ※1, 2



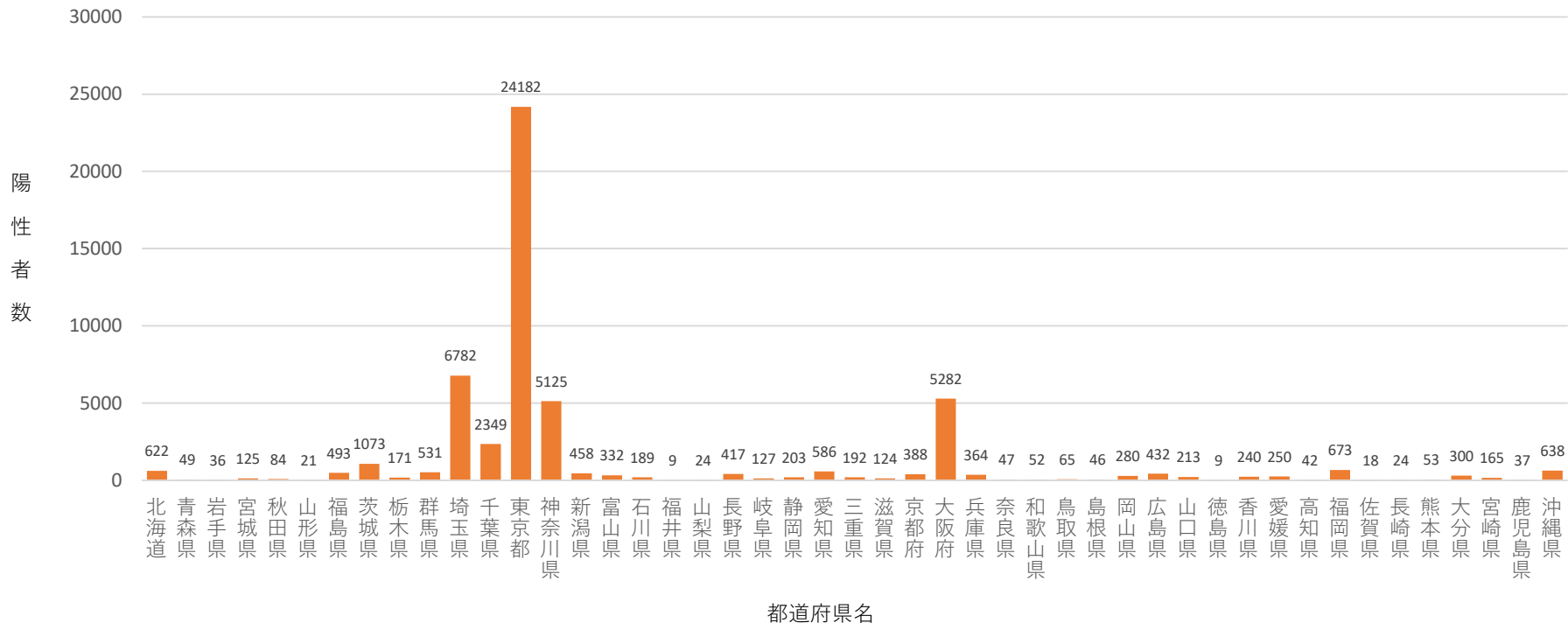
L452R変異株PCR検査陽性者数 53,922件 (※2)

※1. 国内事例は、8月23日までにHER-SYSで把握した累計を計上しており、自治体で公表された数字とは異なる可能性がある。また、ゲノム解析の国内事例数には、自治体等（地方衛生研究所・大学等）でゲノム確定した数が含まれる。公表後にHER-SYS上で事例削除・変更等された事例があることから、先週との事例数の差分については、負の数となっている場合がある。

※2. L452R変異株PCR検査では、L452R変異があるイブシロン株、C.36系統など他の株を検出する可能性があり、地域の感染状況の評価には注意が必要。

# 都道府県別のL452R変異株PCR陽性者数 (HER-SYS)

2021/8/23時点※1, 2



※1 国内事例は、8月23日までにHER-SYSで把握した累計を計上しており、自治体で公表された数字とは異なる可能性がある。

※2 L452R変異株PCR検査では、L452R変異があるイプシロン株、C.36系統などの株を検出する可能性があり、地域の感染状況の評価には注意が必要。

# L452R変異株スクリーニング検査の実施率・陽性率（機械的な試算）速報値

8/9- 8/15	新規 陽性者数	合計（①+②）		①自治体				②民間検査機関			
		実施率	陽性率	実施 件数	陽性 者数	実施率	陽性率	実施 件数	陽性 者数	実施率	陽性率
埼玉県	10,350	<b>32 %</b>	<b>90 %</b>	199	178	2%	89%	3,146	2,835	30%	90%
千葉県	7,539	<b>28 %</b>	<b>90 %</b>	405	387	5%	96%	1,735	1,542	23%	89%
東京都	29,847	<b>46 %</b>	<b>91 %</b>	325	240	1%	74%	13,432	12,300	45%	92%
神奈川県	13,824	<b>29 %</b>	<b>89 %</b>	950	835	7%	88%	3,010	2,689	22%	89%
大阪府	9,989	<b>40 %</b>	<b>69 %</b>	2,534	1,649	25%	65%	1,498	1,114	15%	74%
沖縄県	4,168	<b>12 %</b>	<b>91 %</b>	78	57	2%	73%	420	397	10%	95%
全国	115,603	<b>37 %</b>	<b>85 %</b>	<b>14,565</b>	<b>11,362</b>	<b>13%</b>	<b>78%</b>	<b>28,159</b>	<b>24,799</b>	<b>24%</b>	<b>88%</b>

※1 各報告日時点の集計値を記載しているため、各自治体のホームページ等で公表されている数値と異なる場合がある。※2 速報値のため、今後、精査が必要な数字である。※3 一部の都道府県ではN501Y変異株PCR検査が陰性だった検体に対して、L452R変異株PCR検査を実施。※4 L452R変異があるイブシロン株、C.36系統など他の株を検出する可能性や一部検体を対象に実施したものであり、地域の感染状況の評価には注意が必要。



# L452R変異株スクリーニング検査の実施率・陽性率（機械的な試算）時系列

	7/19—7/25		7/26—8/1		8/2—8/8		8/9—8/15	
	実施率	陽性率	実施率	陽性率	実施率	陽性率	実施率	陽性率
埼玉県	34%	51%	39%	76%	49%	86%	32%	90%
千葉県	35%	59%	36%	76%	38%	84%	28%	90%
東京都	41%	54%	47%	79%	54%	88%	46%	91%
神奈川県	33%	43%	38%	69%	37%	83%	29%	89%
大阪府	26%	15%	33%	35%	45%	54%	40%	69%
沖縄県	22%	40%	15%	62%	24%	83%	12%	91%
全国	<b>37%</b>	<b>44%</b>	<b>41%</b>	<b>67%</b>	<b>45%</b>	<b>79%</b>	<b>37%</b>	<b>85%</b>

# L452R変異株スクリーニング検査の実施状況（8/9-8/15）速報値 2021/8/20時点

	都道府県	新規陽性者数	実施件数 ①	陽性者数 ②	陽性率% ②/①
1	北海道	2,787	1,797	1,181	66
2	青森県	268	114	103	90
3	岩手県	262	40	27	68
4	宮城県	1,038	406	367	90
5	秋田県	98	74	71	96
6	山形県	189	109	87	80
7	福島県	811	399	345	86
8	茨城県	1,858	674	558	83
9	栃木県	1,014	381	285	75
10	群馬県	1,179	351	322	92
11	埼玉県	10,350	3,345	3,013	90
12	千葉県	7,539	2,140	1,929	90
13	東京都	29,847	13,757	12,540	91
14	神奈川県	13,824	3,960	3,524	89
15	新潟県	611	375	338	90
16	富山県	378	195	160	82
17	石川県	531	260	201	77
18	福井県	163	172	144	84
19	山梨県	414	150	120	80
20	長野県	547	198	175	88
21	岐阜県	747	123	83	67
22	静岡県	2,073	697	593	85
23	愛知県	3,679	1,063	879	83
24	三重県	795	407	360	88

	都道府県	新規陽性者数	実施件数 ①	陽性者数 ②	陽性率% ②/①
25	滋賀県	934	294	233	79
26	京都府	2,333	1,233	978	79
27	大阪府	9,989	4,032	2,763	69
28	兵庫県	3,664	1,422	1,122	79
29	奈良県	727	231	184	80
30	和歌山県	242	225	157	70
31	鳥取県	120	117	83	71
32	島根県	115	53	34	64
33	岡山県	1,040	312	251	80
34	広島県	930	259	184	71
35	山口県	324	203	165	81
36	徳島県	85	42	20	48
37	香川県	411	222	118	53
38	愛媛県	417	144	118	82
39	高知県	130	46	35	76
40	福岡県	5,380	1,240	1,042	84
41	佐賀県	457	25	22	88
42	長崎県	366	164	124	76
43	熊本県	1,100	330	285	86
44	大分県	500	83	79	95
45	宮崎県	297	108	95	88
46	鹿児島県	872	254	210	83
47	沖縄県	4,168	498	454	91
	<b>全国</b>	<b>115,603</b>	<b>42,724</b>	<b>36,161</b>	<b>85%</b>

※1 各報告日時点の集計値を記載しているため、各自治体のホームページ等で公表されている数値と異なる場合がある。※2 速報値のため、今後、精査が必要な数字である。※3 一部の都道府県ではN501Y変異株PCR検査が陰性だった検体に対して、L452R変異株PCR検査を実施。※4 L452R変異があるイプシロン株、C.36系統など他の株を検出する可能性や一部検体を対象に実施したものであり、地域の感染状況の評価には注意が必要。



変異株スクリーニング検査の実施率・陽性率（機械的な試算）速報値

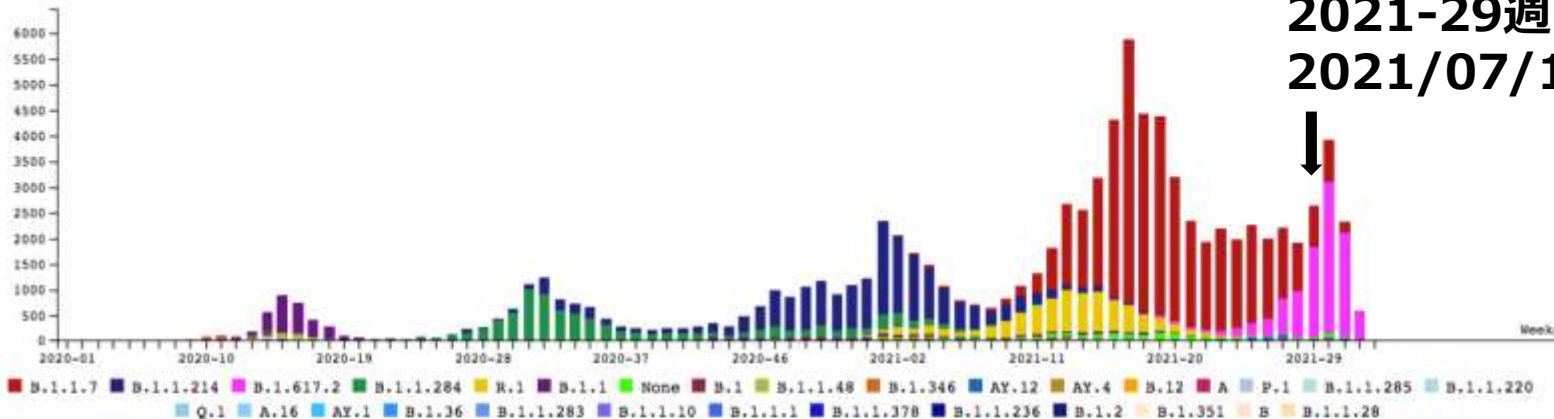
2021年8月20日時点

	7/19-7/25												7/26-8/1												8/2-8/8												8/9-8/15															
	① 新規感染 者数	② 変異株 PCR検査 実施件数 (㉗+㉘)	㉗ 自治体実 施件数	④ 民間検 査機関 実施件 数	㉗/① 民間検 査機関 実施率	③ 変異株 PCR検 査陽性 者(㉙+ ㉚)	㉙ 自治体 陽性者	⑤ 民間検 査機関 陽性者	㉙/③ 自治体 陽性率	⑤/④ 民間検 査機関 陽性率	②/① 変異株 PCR検 査実施 率	③/② 変異株 PCR検 査陽性 率	① 新規感 染者数	② 変異株 PCR検 査実施 件数 (㉗+㉘)	㉗ 自治体実 施件数	④ 民間検 査機関 実施件 数	㉗/① 民間検 査機関 実施率	③ 変異株 PCR検 査陽性 者(㉙+ ㉚)	㉙ 自治体 陽性者	⑤ 民間検 査機関 陽性者	㉙/③ 自治体 陽性率	⑤/④ 民間検 査機関 陽性率	②/① 変異株 PCR検 査実施 率	③/② 変異株 PCR検 査陽性 率	① 新規感 染者数	② 変異株 PCR検 査実施 件数 (㉗+㉘)	㉗ 自治体実 施件数	④ 民間検 査機関 実施件 数	㉗/① 民間検 査機関 実施率	③ 変異株 PCR検 査陽性 者(㉙+ ㉚)	㉙ 自治体 陽性者	⑤ 民間検 査機関 陽性者	㉙/③ 自治体 陽性率	⑤/④ 民間検 査機関 陽性率	②/① 変異株 PCR検 査実施 率	③/② 変異株 PCR検 査陽性 率	① 新規感 染者数	② 変異株 PCR検 査実施 件数 (㉗+㉘)	㉗ 自治体実 施件数	④ 民間検 査機関 実施件 数	㉗/① 民間検 査機関 実施率	③ 変異株 PCR検 査陽性 者(㉙+ ㉚)	㉙ 自治体 陽性者	⑤ 民間検 査機関 陽性者	㉙/③ 自治体 陽性率	⑤/④ 民間検 査機関 陽性率	②/① 変異株 PCR検 査実施 率	③/② 変異株 PCR検 査陽性 率				
北海道	742	504	250	254	34	34	177	95	82	38	32	68	35	1,563	1,067	615	452	39	29	511	281	230	46	51	68	48	2,074	1,534	858	676	41	33	862	501	361	58	53	74	56	2,787	1,797	1,002	795	36	29	1,181	635	546	63	69	64	66
青森県	37	18	16	2	43	5	0	0	0	0	0	49	0	96	16	14	2	15	2	6	4	2	29	100	17	38	160	44	26	18	16	11	42	26	16	100	89	28	95	268	114	101	13	38	5	103	91	12	90	92	43	90
岩手県	57	48	47	1	82	2	17	17	0	36	0	84	35	99	19	17	2	17	2	16	15	1	88	50	19	84	155	25	22	3	14	2	17	15	2	68	67	16	68	262	40	39	1	15	0	27	26	1	67	100	15	68
宮城県	126	74	65	9	52	7	18	17	1	26	11	59	24	269	158	148	10	55	4	101	98	3	66	30	59	64	616	284	254	30	41	5	230	207	23	81	77	46	81	1,038	406	378	28	36	3	367	341	26	90	93	39	90
秋田県	20	17	17	0	85	0	0	0	0	0	-	85	0	27	22	22	0	81	0	6	6	0	27	-	81	27	66	56	54	2	82	3	44	43	1	80	50	85	79	98	74	70	4	71	4	71	68	3	97	75	76	96
山形県	8	11	11	0	138	0	1	1	0	9	-	138	9	61	25	25	0	41	0	16	16	0	64	-	41	64	206	97	76	21	37	10	69	51	18	67	86	47	71	189	109	98	11	52	6	87	76	11	78	100	58	80
福島県	140	92	85	7	61	5	18	17	1	20	14	66	20	506	235	195	40	39	8	159	138	21	71	53	46	68	649	503	428	75	66	12	368	309	59	72	79	78	73	811	399	363	36	45	4	345	317	28	87	78	49	86
茨城県	408	178	109	69	27	17	84	53	31	49	45	44	47	1,138	352	198	154	17	14	214	122	92	62	60	31	61	1,682	925	553	372	33	22	633	366	267	66	72	55	68	1,858	674	437	237	24	13	558	364	194	83	82	36	83
栃木県	232	136	113	23	49	10	56	49	7	43	30	59	41	758	361	276	85	36	11	239	175	64	63	75	48	66	927	507	334	173	36	19	403	252	151	75	87	55	79	1,014	381	269	112	27	11	285	185	100	69	89	38	75
群馬県	156	26	13	13	8	8	14	6	8	46	62	17	54	597	157	56	101	9	17	128	42	86	75	85	26	82	969	381	129	252	13	26	331	107	224	83	89	39	87	1,179	351	68	283	6	24	322	63	259	93	92	30	92
埼玉県	2,599	884	95	789	4	30	453	41	412	43	52	34	51	5,565	2,195	130	2,065	2	37	1,664	85	1,579	65	76	39	76	8,284	4,032	198	3,834	2	46	3,461	170	3,291	86	86	49	86	10,350	3,345	199	3,146	2	30	3,013	178	2,835	89	90	32	90
千葉県	1,992	692	295	397	15	20	410	189	221	64	56	35	59	4,379	1,556	472	1,084	11	25	1,183	358	825	76	76	36	76	6,470	2,445	551	1,894	9	29	2,057	460	1,597	83	84	38	84	7,539	2,140	405	1,735	5	23	1,929	387	1,542	96	89	28	90
東京都	10,175	4,183	116	4,067	1	40	2,279	59	2,220	51	55	41	54	21,735	10,229	183	10,046	1	46	8,039	113	7,926	62	79	47	79	28,259	15,283	247	15,036	1	53	13,436	169	13,267	68	88	54	88	29,847	13,757	325	13,432	1	45	12,540	240	12,300	74	92	46	91
神奈川県	3,727	1,216	392	824	11	22	521	183	338	47	41	33	43	7,768	2,972	771	2,201	10	28	2,049	540	1,509	70	69	38	69	12,148	4,545	942	3,603	8	30	3,786	771	3,015	82	84	37	83	13,824	3,960	950	3,010	7	22	3,524	835	2,689	88	89	29	89
新潟県	171	117	116	1	68	1	35	35	0	30	0	68	30	318	110	106	4	33	1	72	70	2	66	50	35	65	485	224	209	15	43	3	184	172	12	82	80	46	82	611	375	363	12	59	2	338	326	12	90	100	61	90
富山県	71	20	20	0	28	0	4	4	0	20	-	28	20	152	195	194	1	128	1	60	60	0	31	0	128	31	274	177	172	5	63	2	110	106	4	62	80	65	62	378	195	194	1	51	0	160	159	1	82	100	52	82
石川県	330	22	12	10	4	3	2	0	2	0	20	7	9	645	263	243	20	38	3	119	108	11	44	55	41	45	547	296	280	16	51	3	197	182	15	65	94	54	67	531	260	249	11	47	2	201	193	8	78	73	49	77
福井県	51	13	6	7	12	14	0	0	0	0	0	25	0	159	114	68	46	43	29	28	19	9	28	20	72	25	220	164	72	92	33	42	127	45	82	63	89	75	77	163	172	99	73	61	45	144	82	62	83	85	106	84
山梨県	81	13	13	0	16	0	6	6	0	46	-	16	46	189	57	49	8	26	4	25	24	1	49	13	30	44	405	151	129	22	32	5	123	105	18	81	82	37	81	414	150	133	17	32	4	120	109	11	82	65	36	80
長野県	51	30	26	4	51	8	16	14	2	54	50	59	53	196	56	51	5	26	3	44	41	3	80	60	29	79	355	167	142	25	40	7	139	116	23	82	92	47	83	547	198	164	34	30	6	175	144	31	88	91	36	88
岐阜県	74	21	17	4	23	5	3	3	0	18	0	28	14	165	35	25	10	15	6	18	13	5	52	50	21	51	331	51	35	16	11	5	32	23	9	66	56	15	63	747	123	103	20	14	3	83	64	19	62	95	16	67
静岡県	378	111	86	25	23	7	36	23	13	27	52	29	32	769	464	399	65	52	8	216	176	40	44	62	60	47	1,280	586	442	144	35	11	464	350	114	79	79	46	79	2,073	697	494	203	24	10	593	428	165	87	81	34	85
愛知県	632	199	96	103	15	16	34	16	18	17	17	31	17	1,507	350	108	242	7	16	155	57	98	53	40	23	44	2,366	762	369	393	16	17	502	265	237	72	60	32	66	3,679	1,063	617	446	17	12	879	523	356	85	80	29	83
三重県	112	75	63	12	56	11	28	23	5	37	42	67	37	222	114	103	11	46	5	80	72	8	70	73	51	70	483	169	131	38	27	8	138	108	30	82	79	35	82	795	407	319	88	40	11	360	285	75	89	85	51	88
滋賀県	93	24	0	24	0	26	2	0	2	-	8	26	8	287	89	0	89	0	31	38	0	38	-	43</																												



国内 新型コロナゲノムの PANGO lineage 変遷（2021/08/20 現在）

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

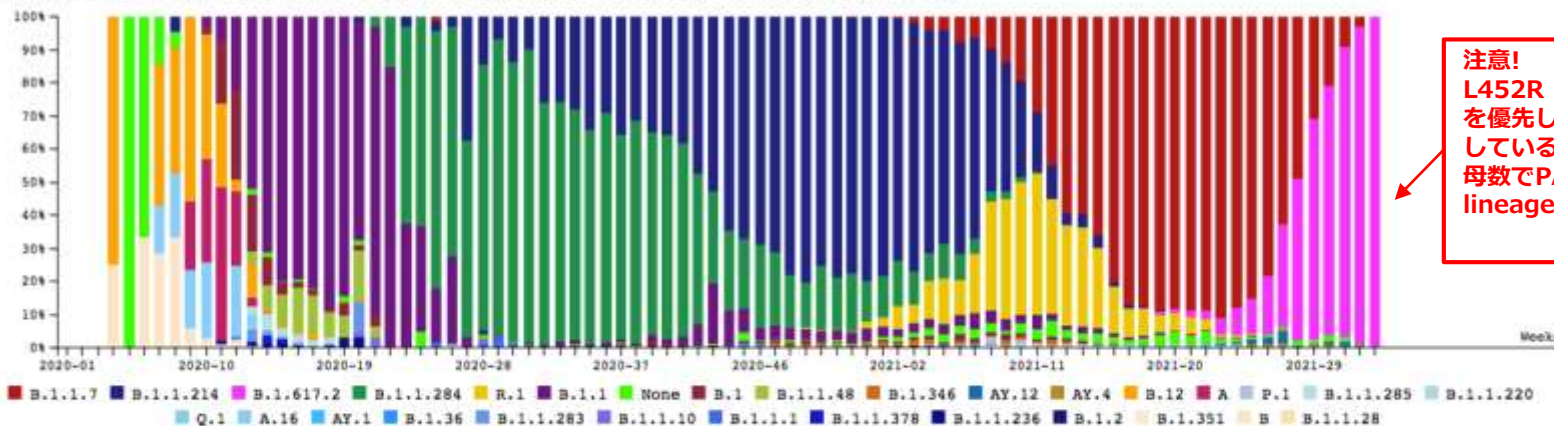


2021-29週  
2021/07/19 - 07/25

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

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

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



注意!  
L452R PCR陽性検体を優先してゲノム解読しているため、正確な母数でPANGO lineage判定できない。

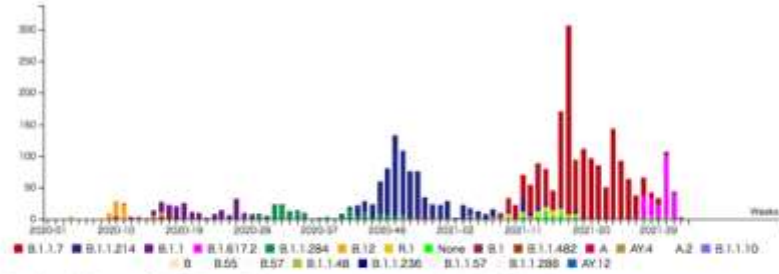
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.

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

2021-29	
B.1.1.7	813
B.1.1.214	0
B.1.617.2	1768
B.1.1.284	0
R.1	2
B.1.1	0
None	29
B.1	1
B.1.1.48	0
B.1.346	0
AY.12	0
AY.4	20
B.12	0
A	0
P.1	0
B.1.1.220	0
B.1.1.285	0
Q.1	1

## 北海道

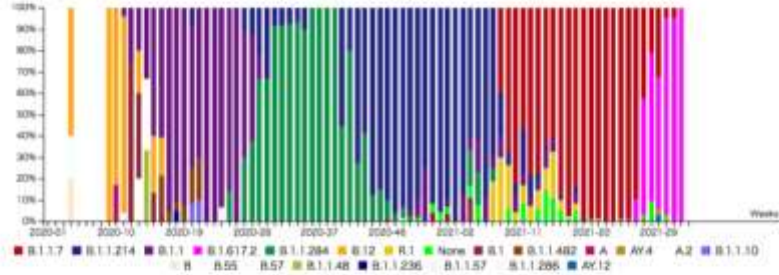
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

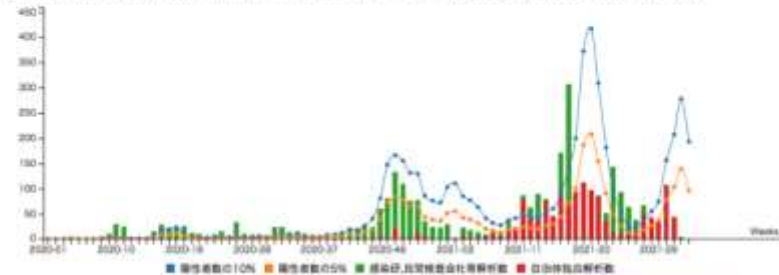
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



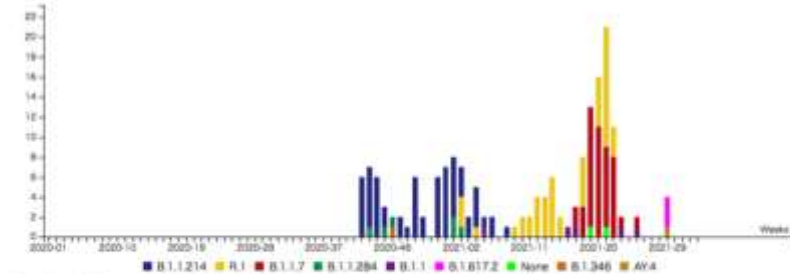
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>]

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 青森県

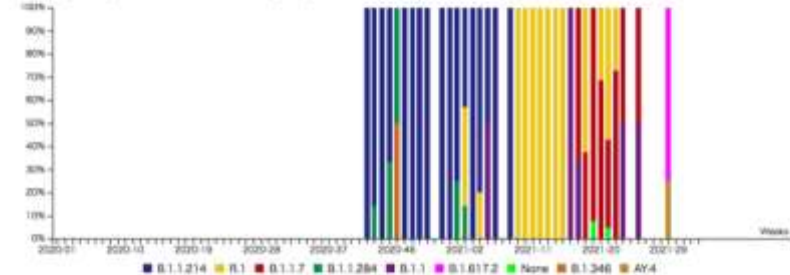
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

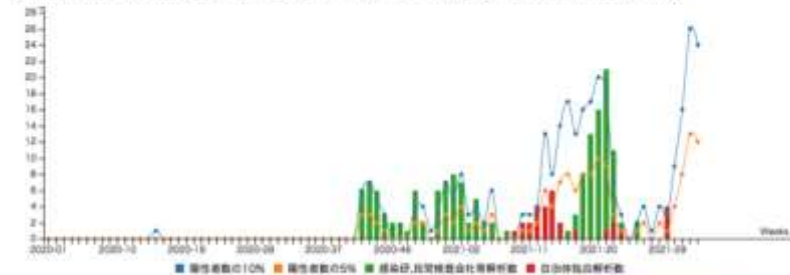
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



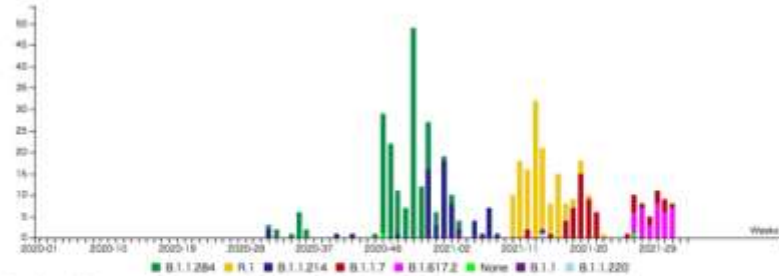
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>]

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 岩手県

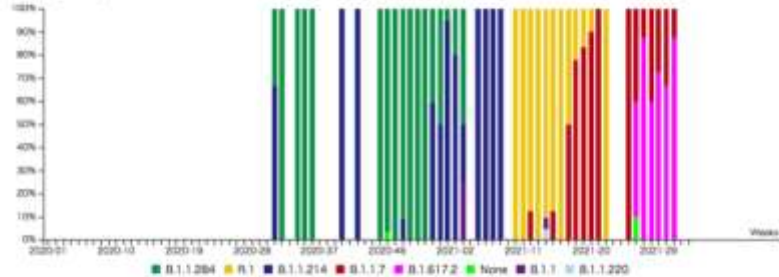
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

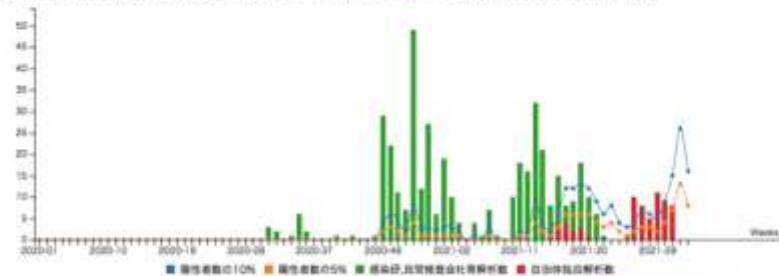
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



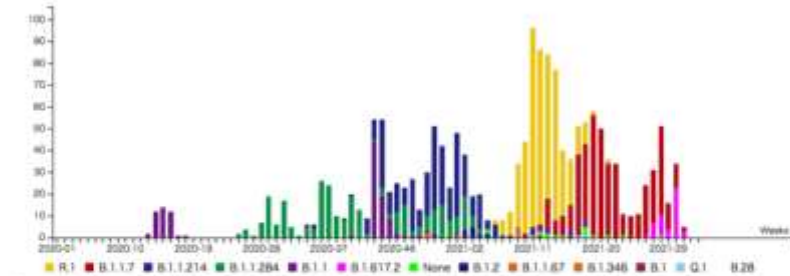
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報-NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 宮城県

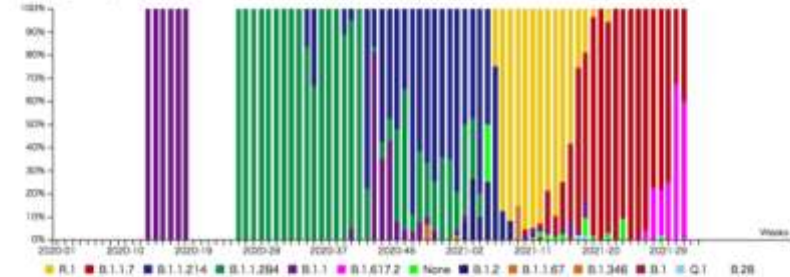
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

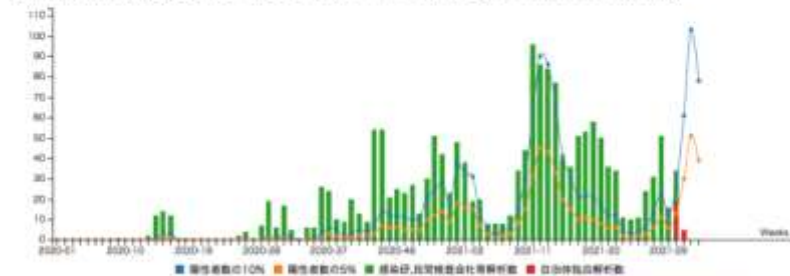
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

[Asia/Japan/Miyagi] 陽性者数の10% / 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/>

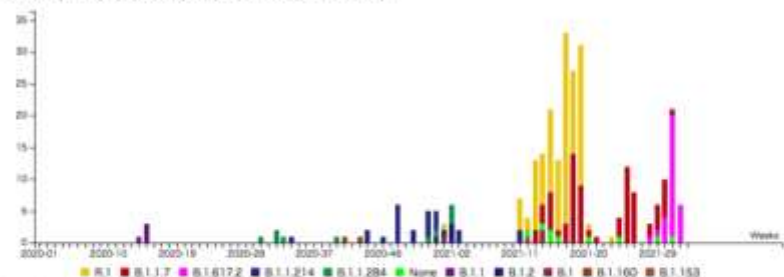
[ゲノム確定数の計算] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)



## 秋田県

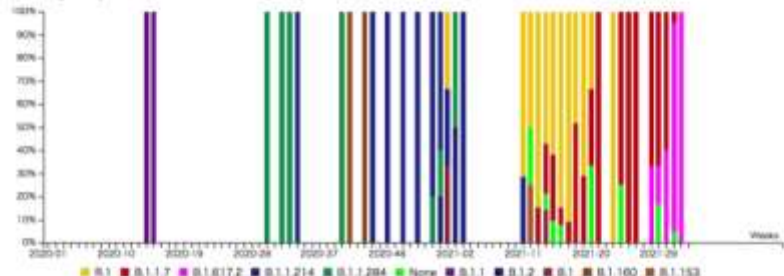
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

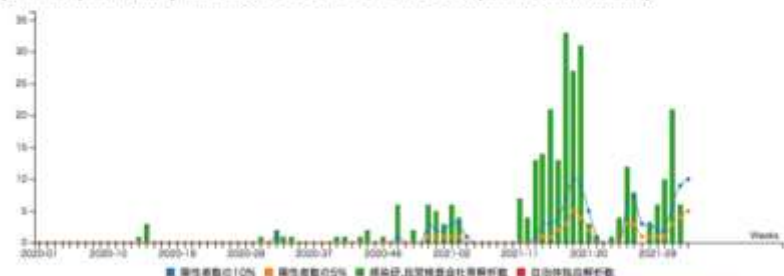
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



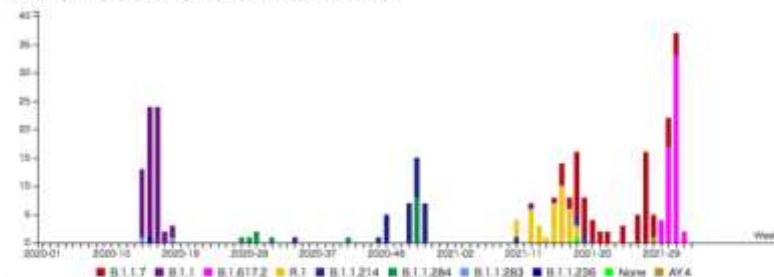
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 山形県

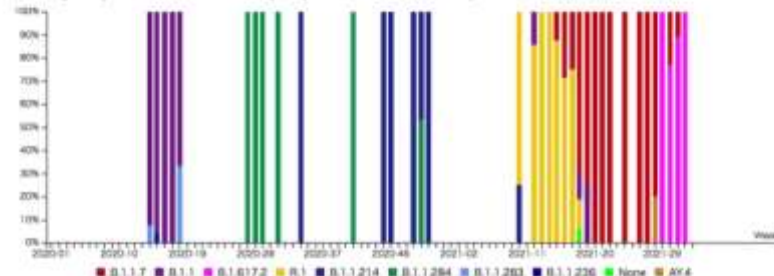
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

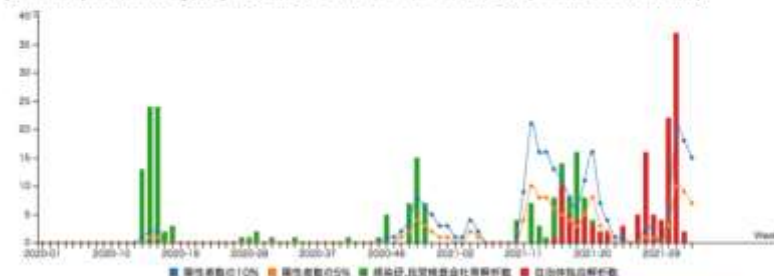
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



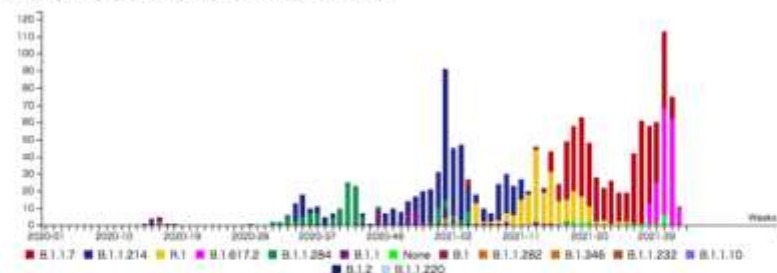
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 福島県

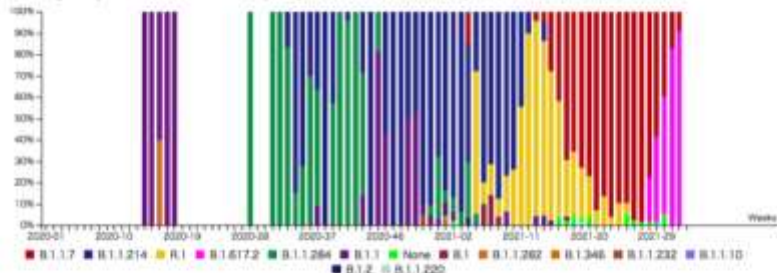
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

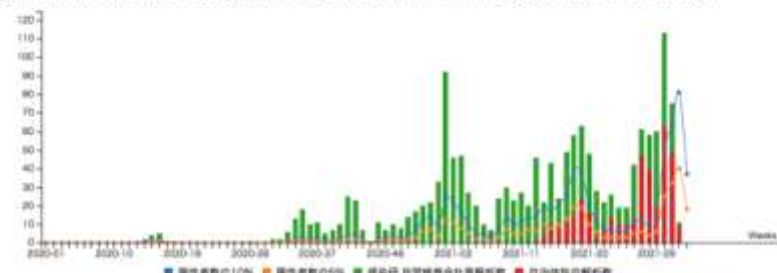
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



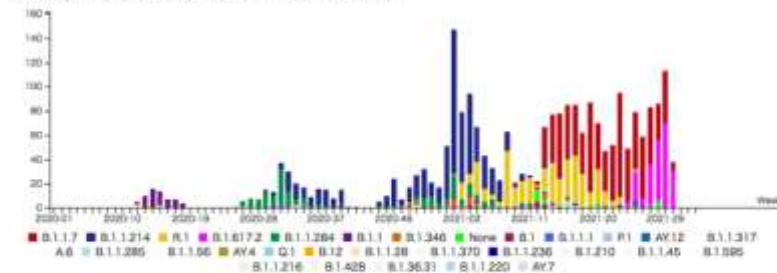
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 茨城県

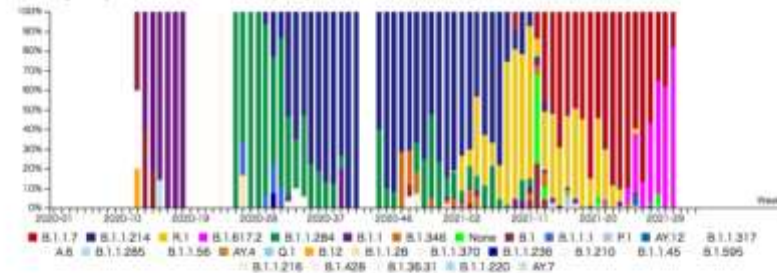
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

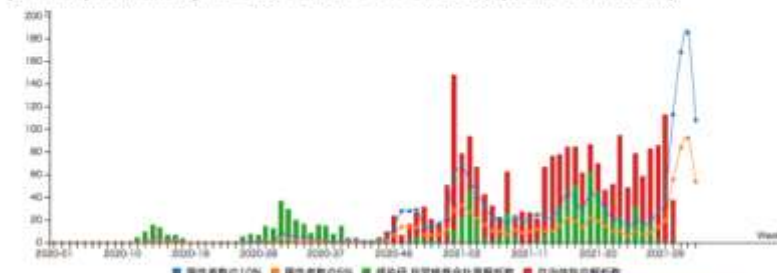
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

[Asia/Japan/Ibaraki] 陽性者数の10% / 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/>

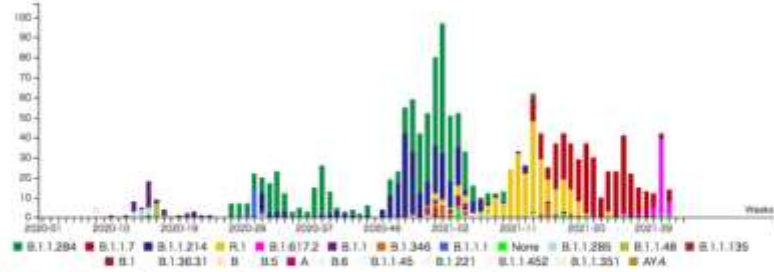
[ゲノム確定数の計算] 感染症での解析分、自治体での解析分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解析分の合計。

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)



## 栃木県

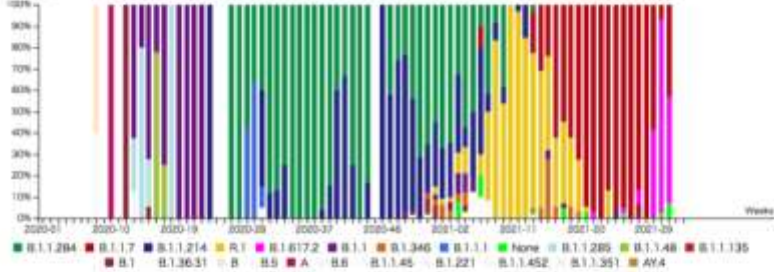
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

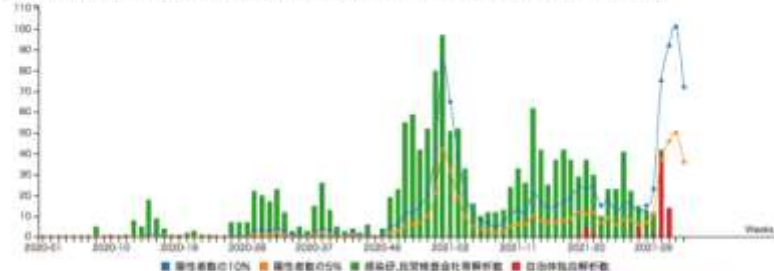
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



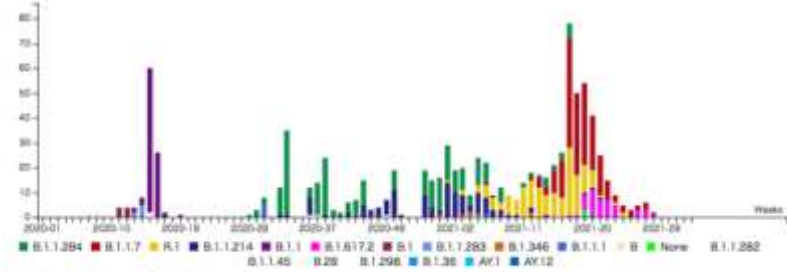
[陽性者数の計算について (集計元) ] 情報-NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 群馬県

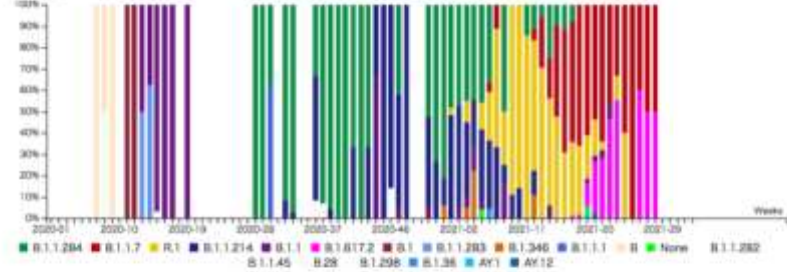
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

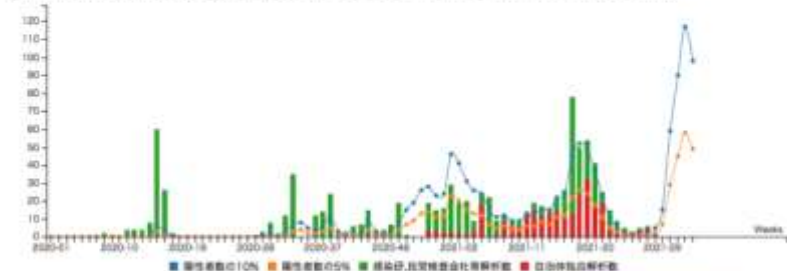
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



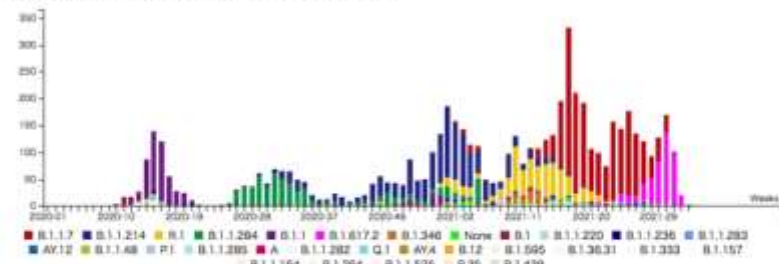
[陽性者数の計算について (集計元) ] 情報-NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 埼玉県

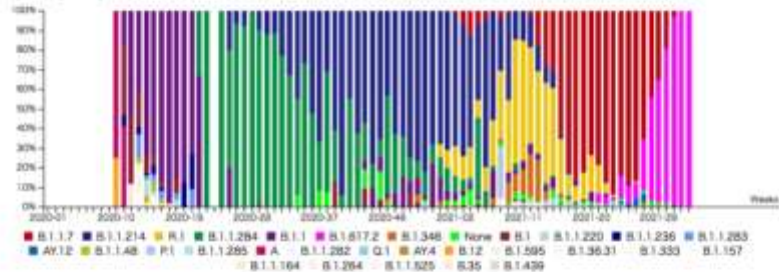
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

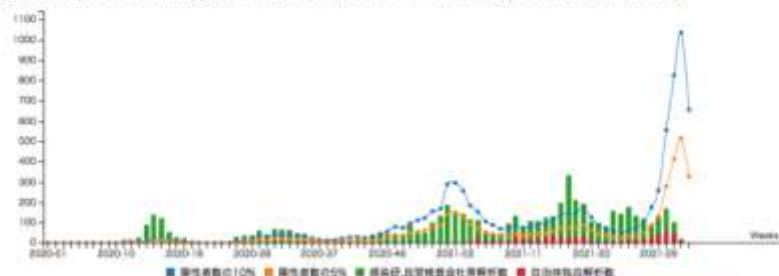
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



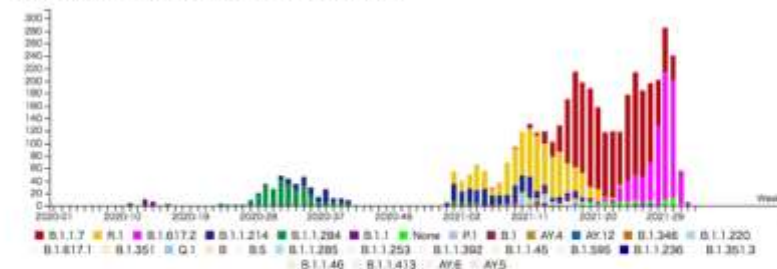
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報NAHまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 千葉県

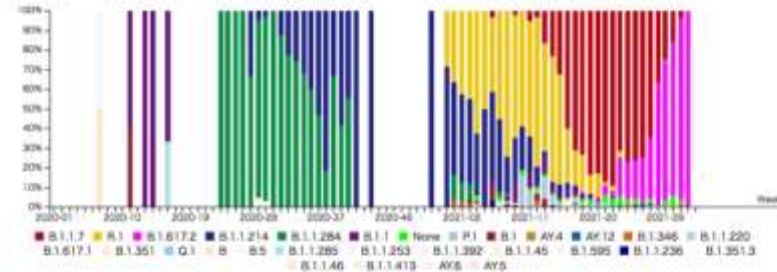
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

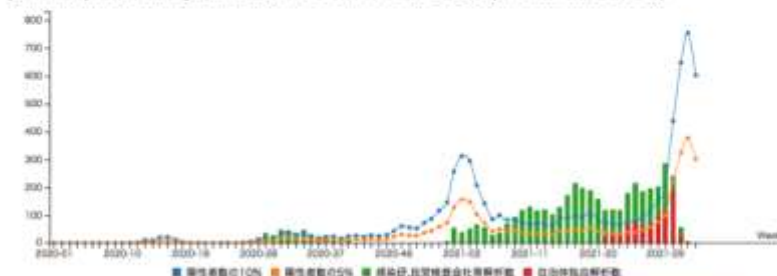
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



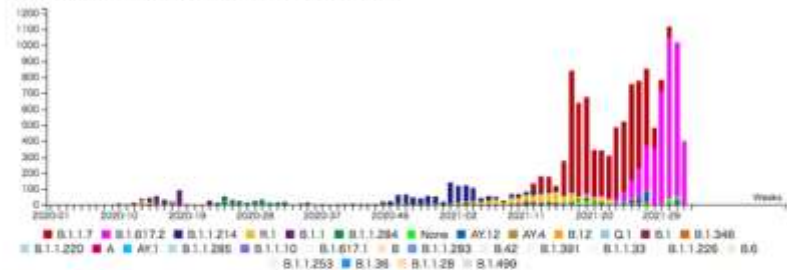
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報NAHまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 東京都

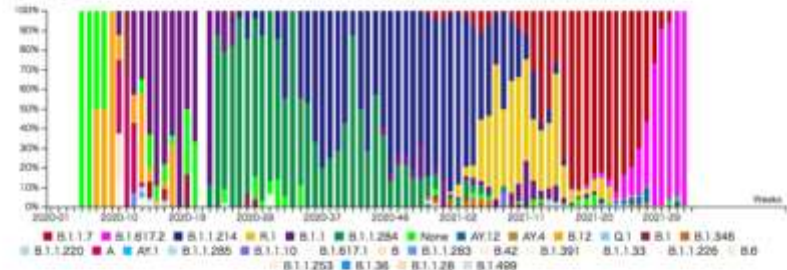
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

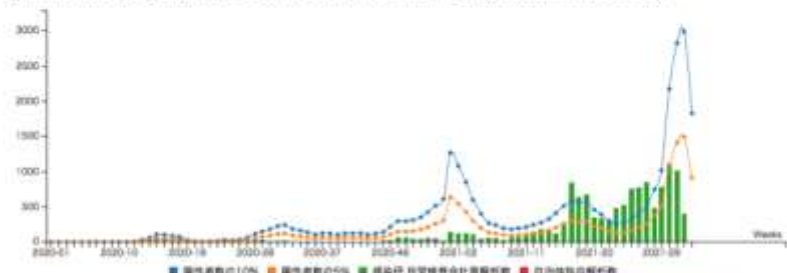
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



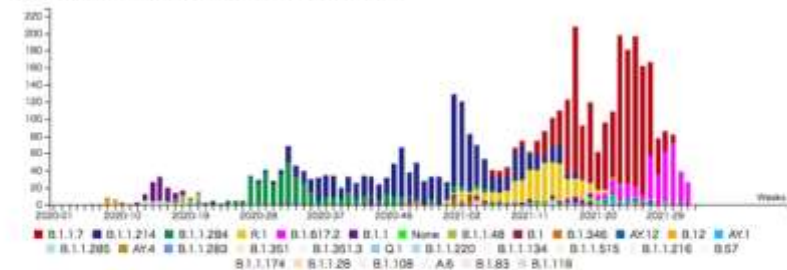
[陽性者数の計算について (集計元) ] 情報NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 神奈川県

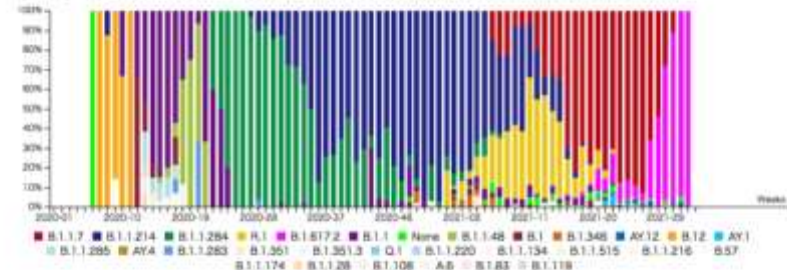
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

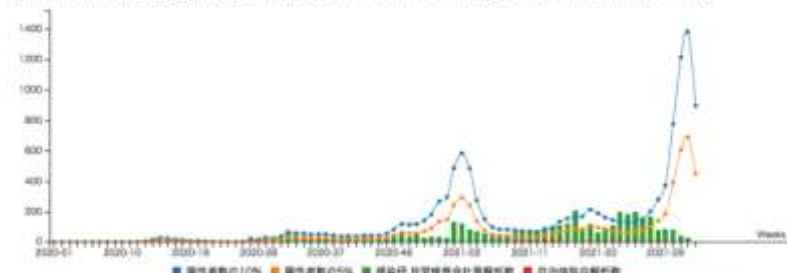
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

[Asia/Japan/Kanagawa] 陽性者数の10% / 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/>

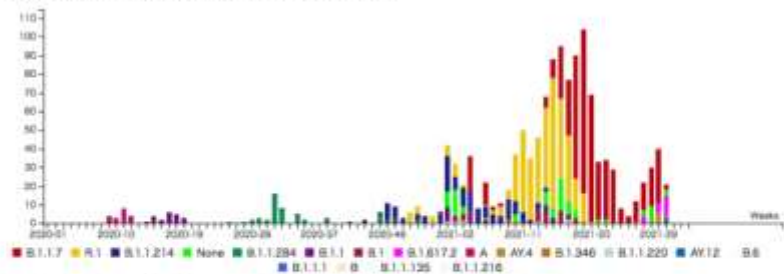
[ゲノム確定数の計算] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)



## 新潟県

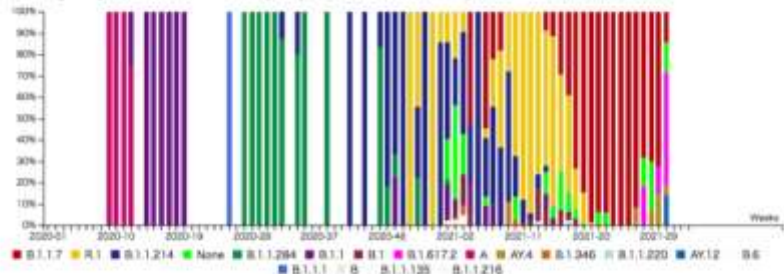
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

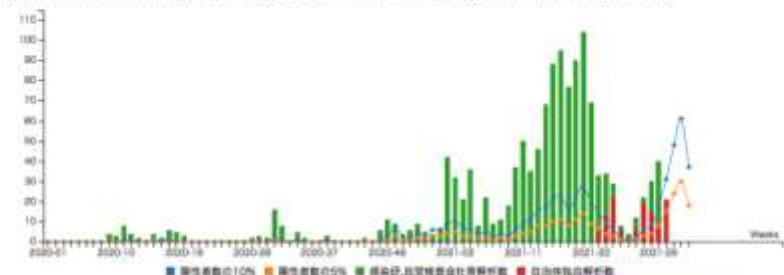
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



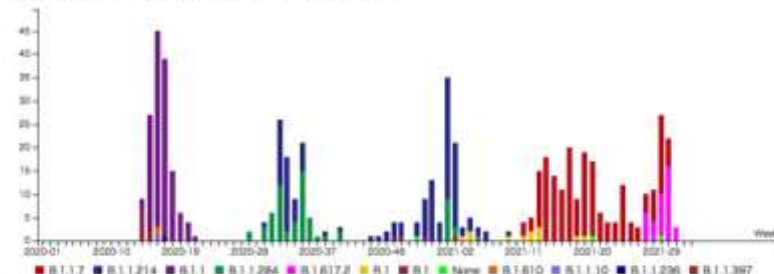
[陽性者数の計算について] 集計元 | 情報NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 富山県

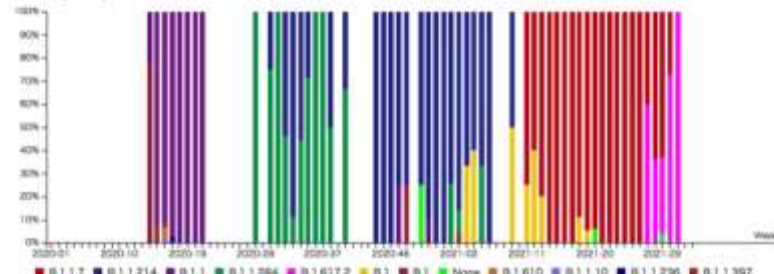
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

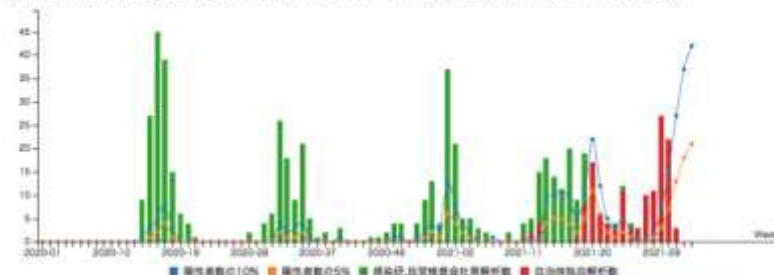
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



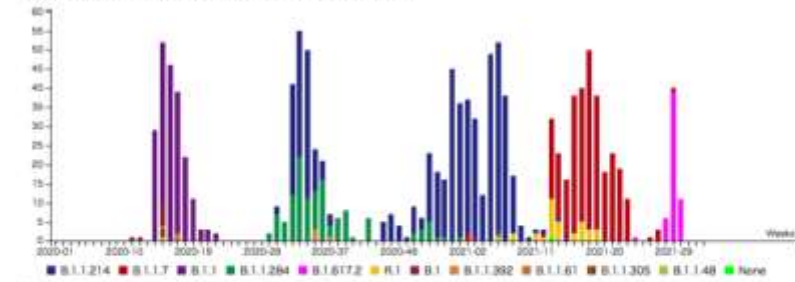
[陽性者数の計算について] 集計元 | 情報NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 石川県

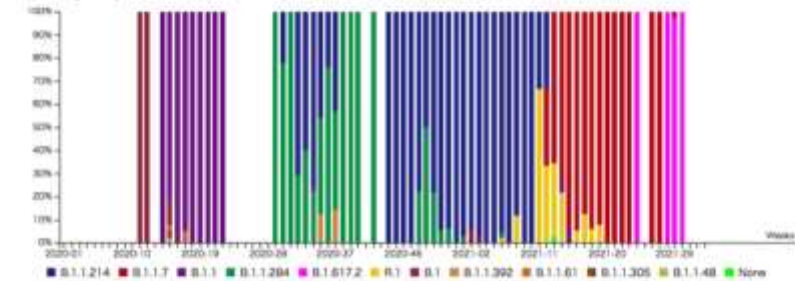
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

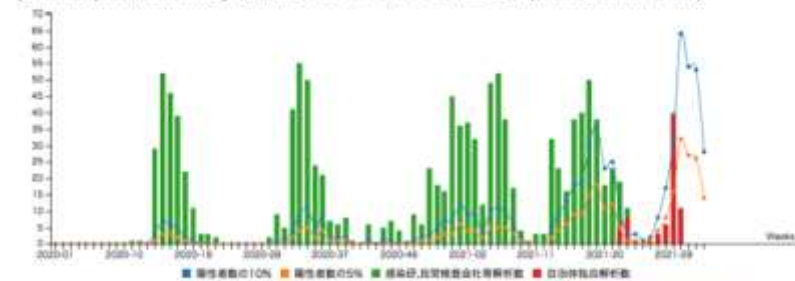
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



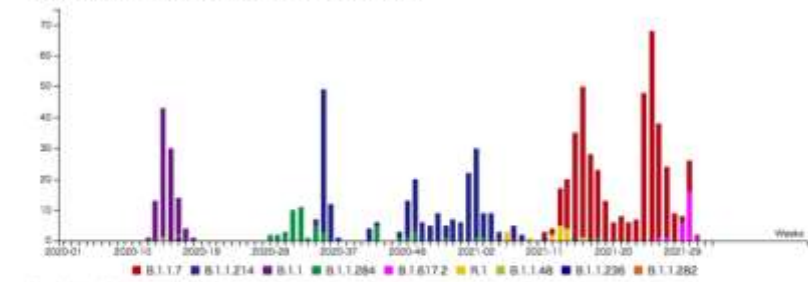
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報-NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 福井県

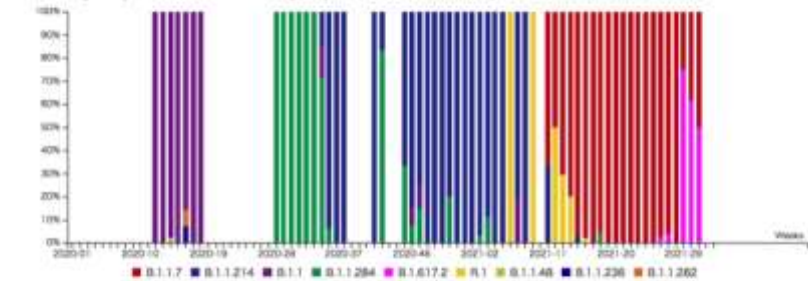
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

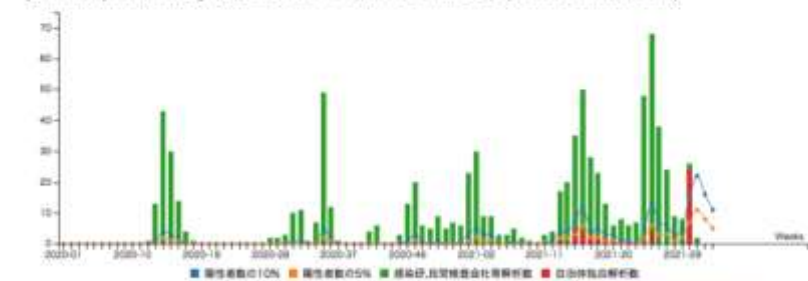
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



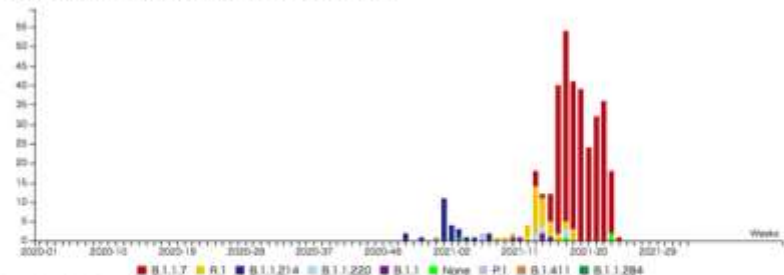
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報-NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 山梨県

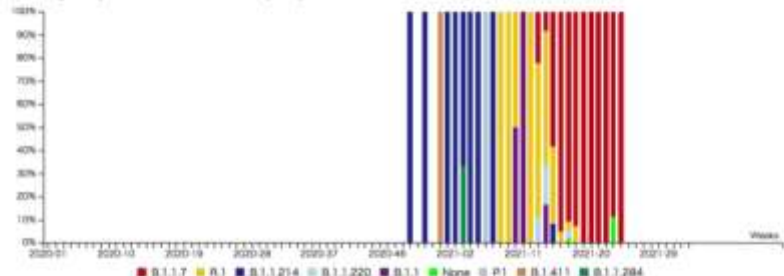
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

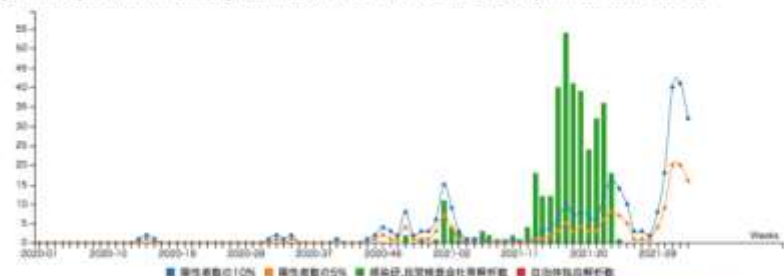
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



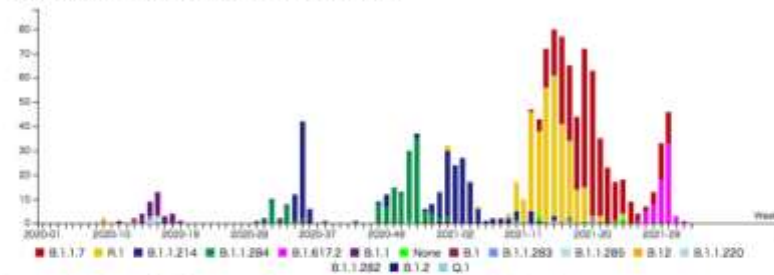
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報-NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>]

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 長野県

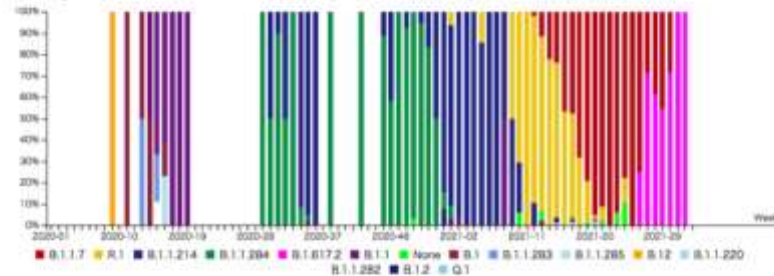
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

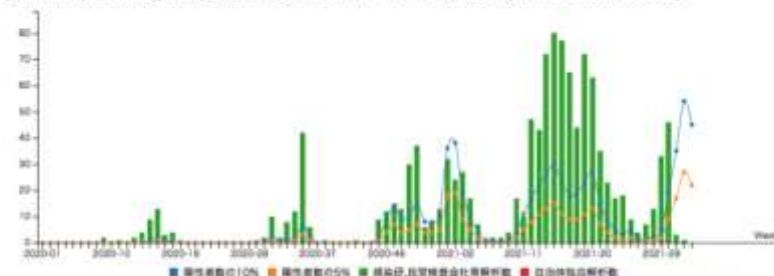
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

[Asia/Japan/Nagano] 陽性者数の10% / 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/>]

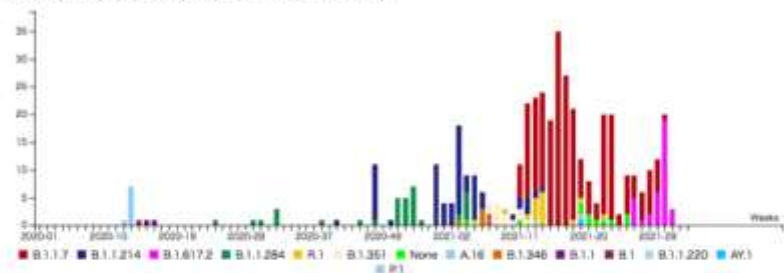
[ゲノム確定数の計算] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)



## 岐阜県

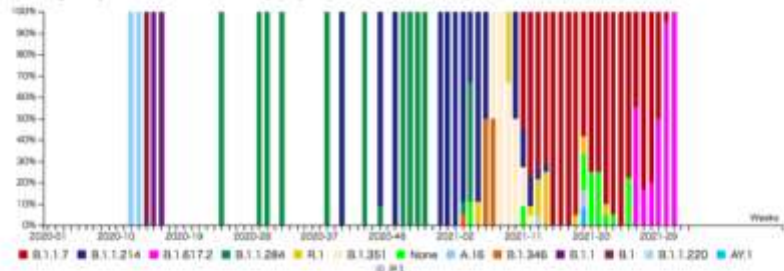
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

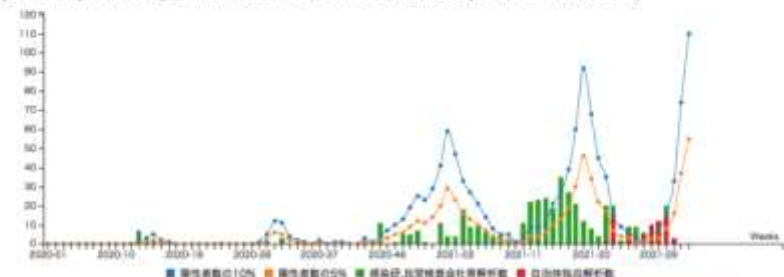
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



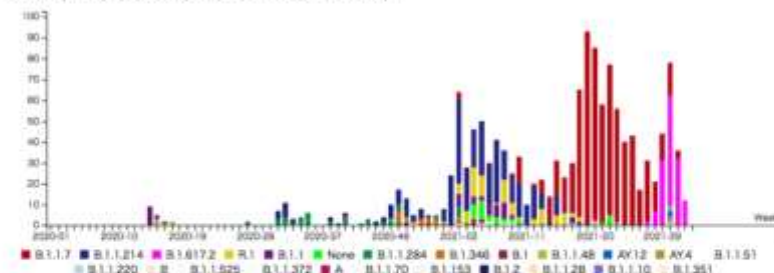
[陽性者数の計算について (集計元) ] 情報-NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 静岡県

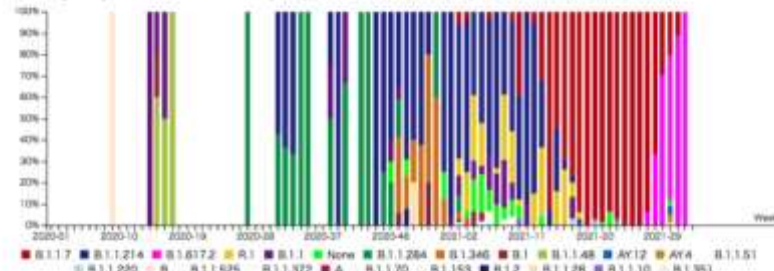
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

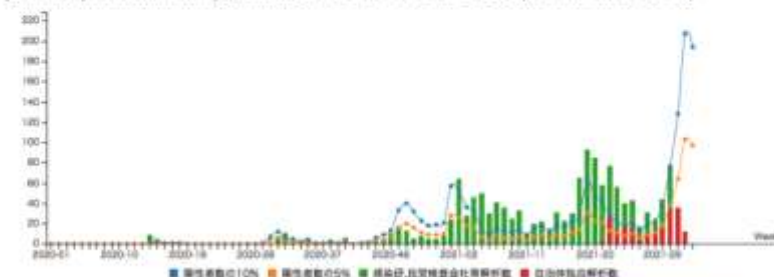
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



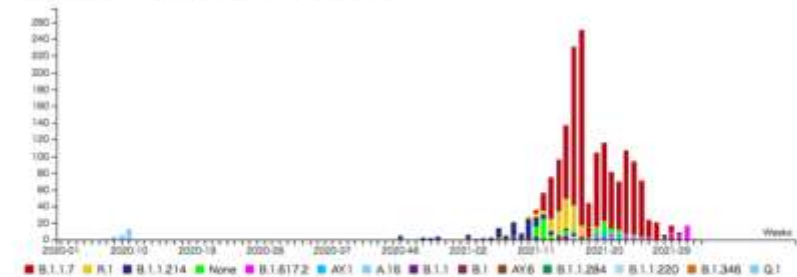
[陽性者数の計算について (集計元) ] 情報-NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 愛知県

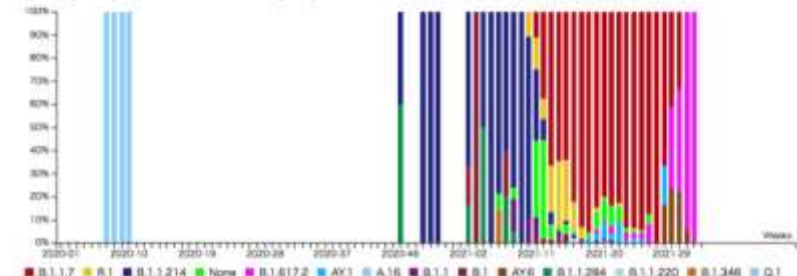
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

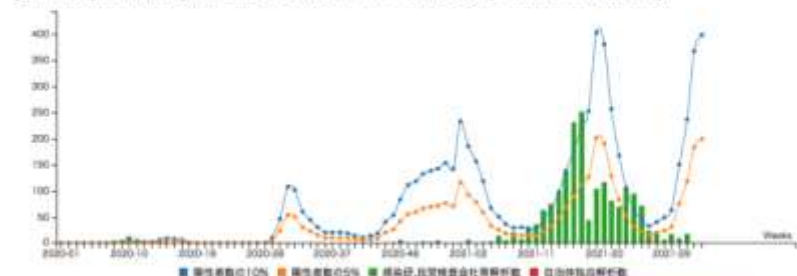
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



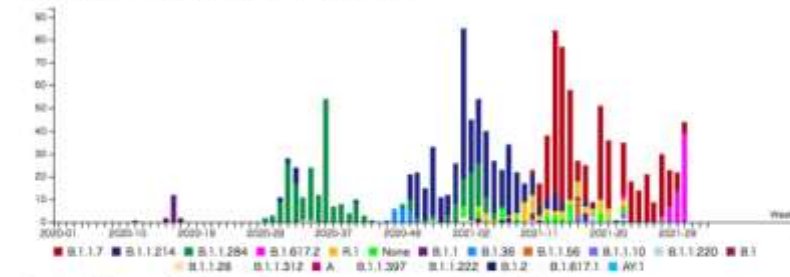
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報NAHまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>]

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 三重県

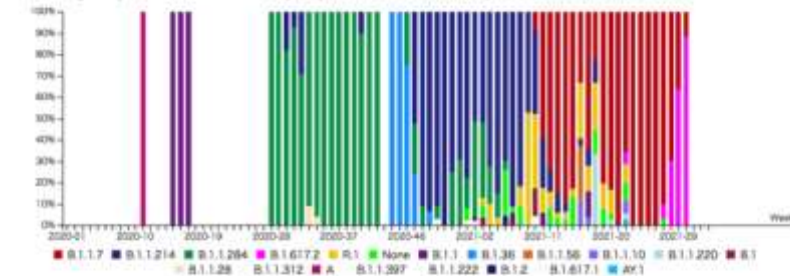
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

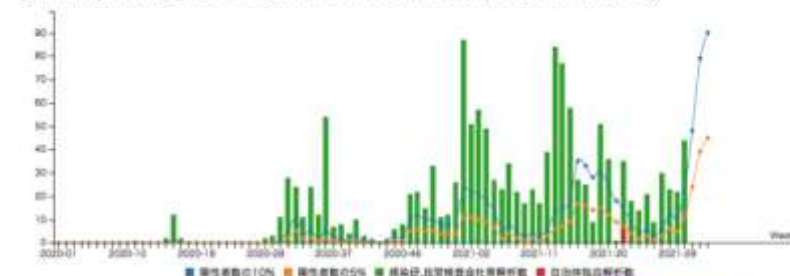
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

[Asia/Japan/Mie] 陽性者数の10% / 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NAHまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>]

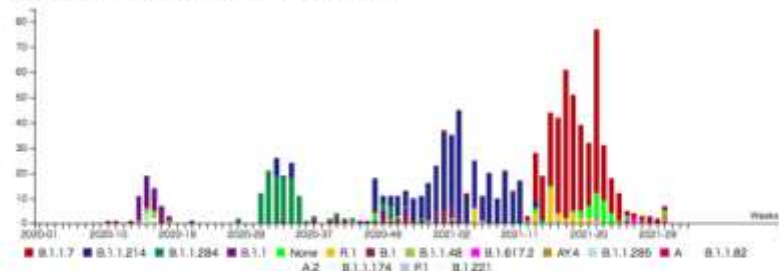
[ゲノム確定数の計算] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)



## 滋賀県

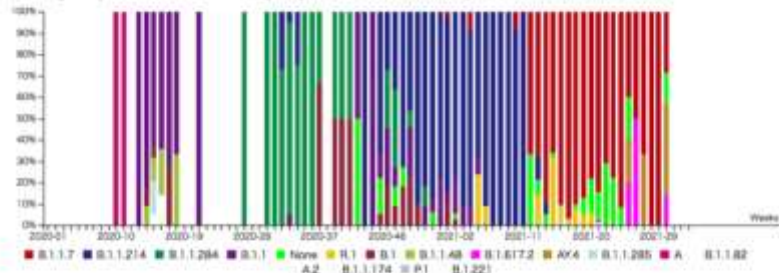
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

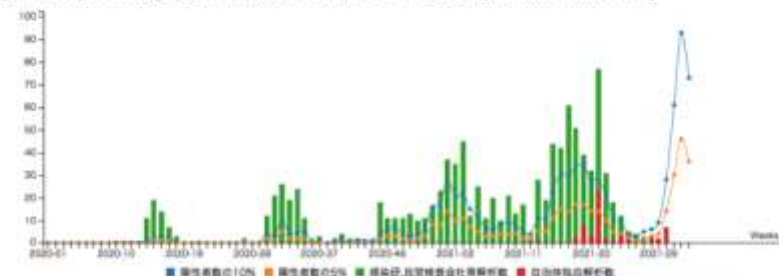
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



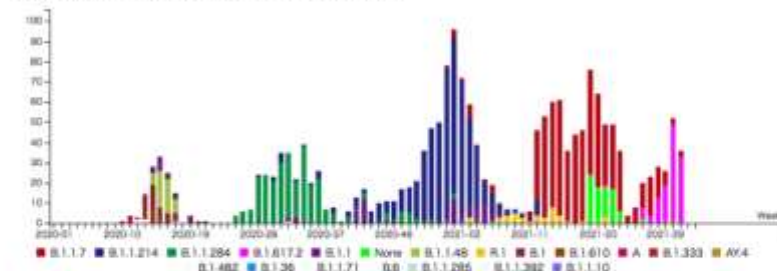
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報・NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>]

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 京都府

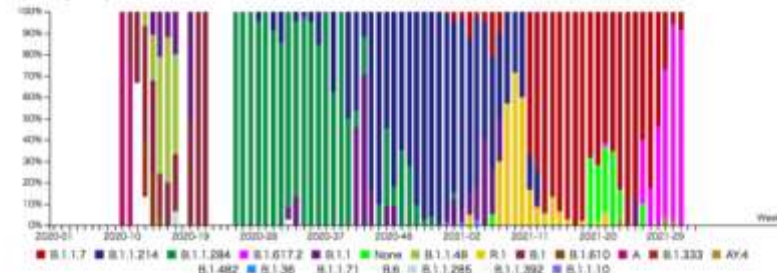
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

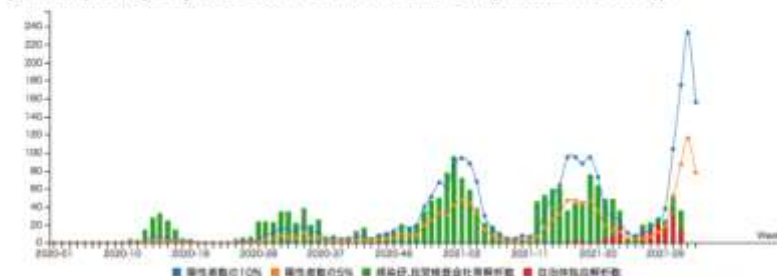
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



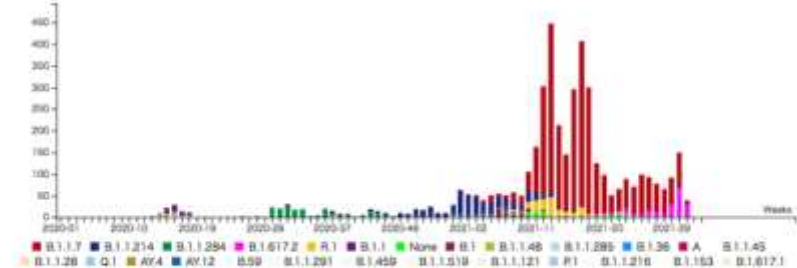
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報・NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>]

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 大阪府

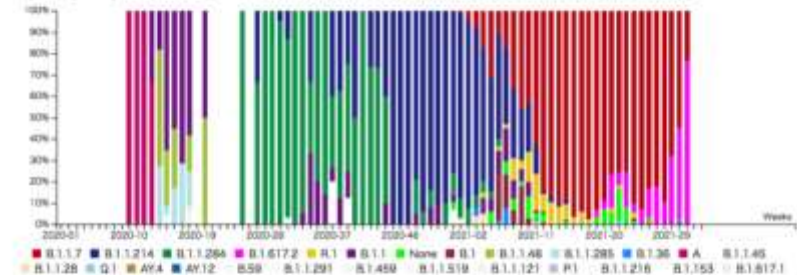
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



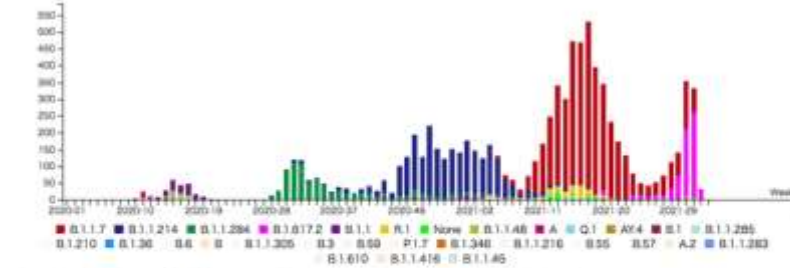
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 兵庫県

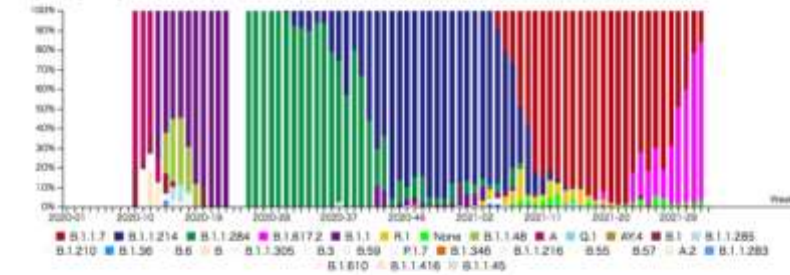
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

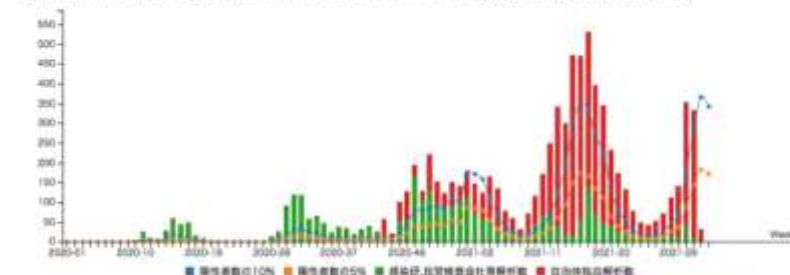
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



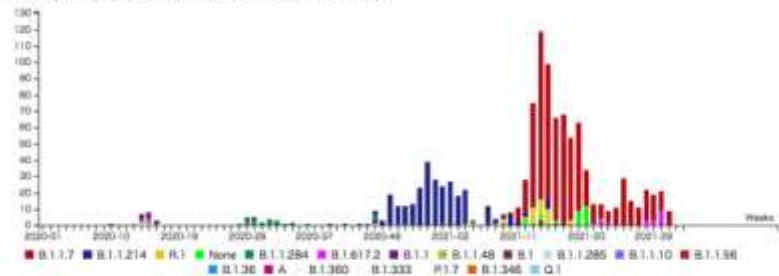
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 奈良県

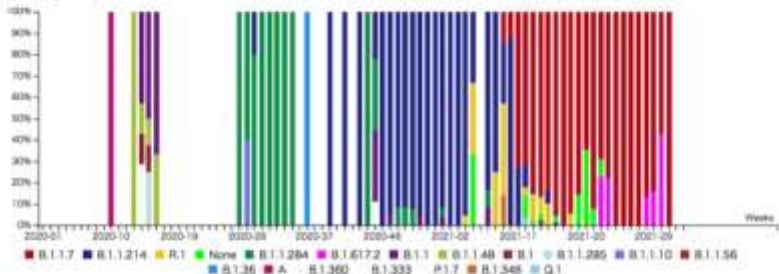
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

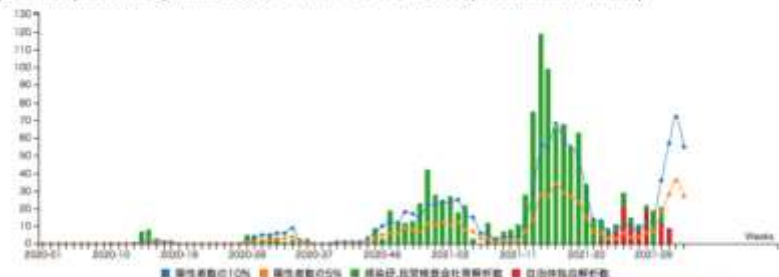
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



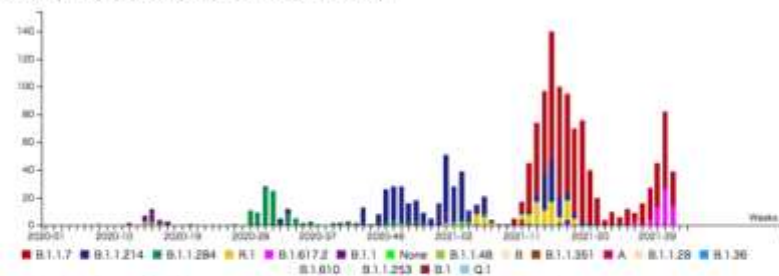
(陽性者数の計算について (集計元) | 情報NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>)

(ゲノム確定数の計算) 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 和歌山県

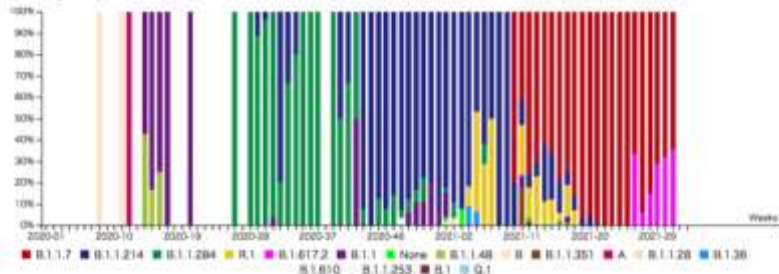
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

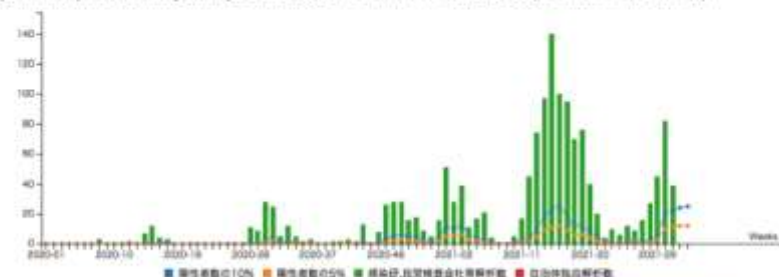
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

[Asia/Japan/Wakayama] 陽性者数の10% / 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/>)

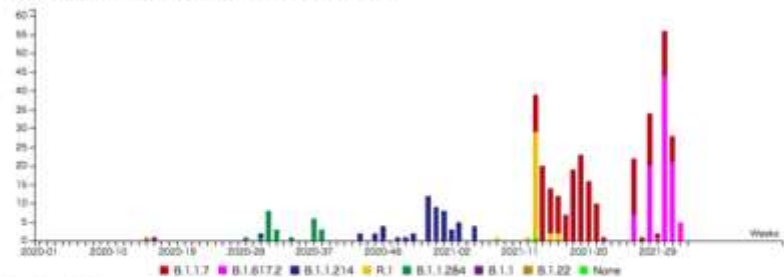
(ゲノム確定数の計算) 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)



## 鳥取県

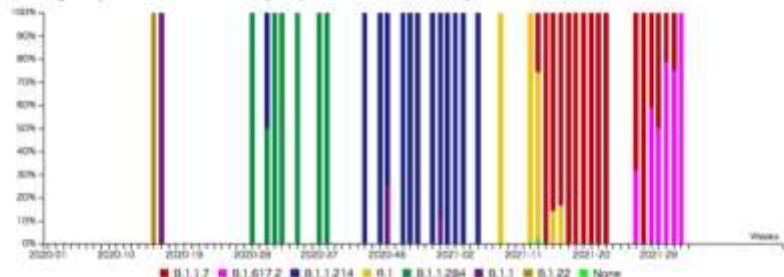
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

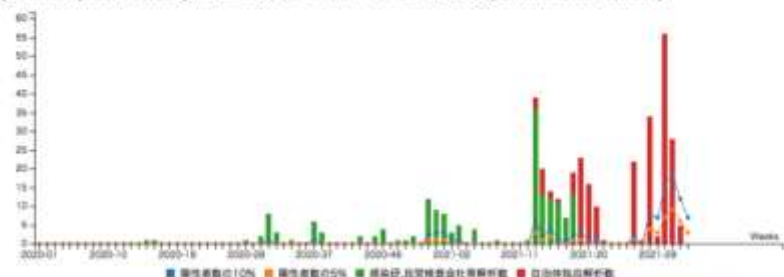
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



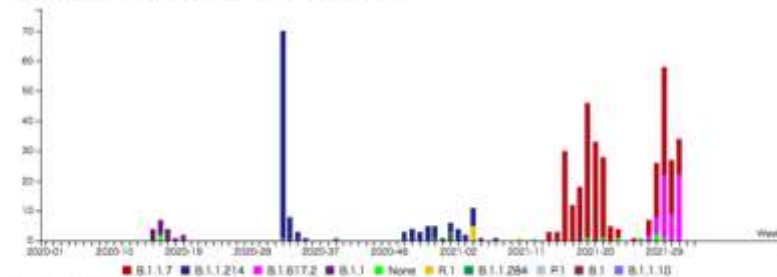
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 島根県

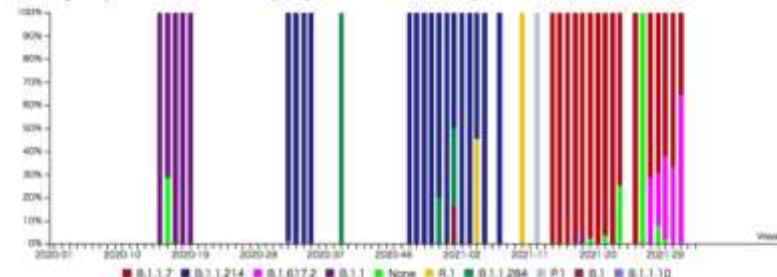
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

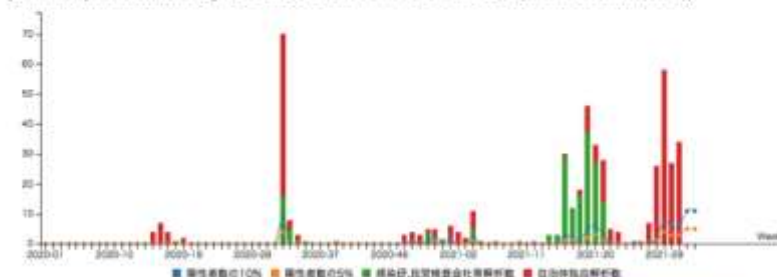
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



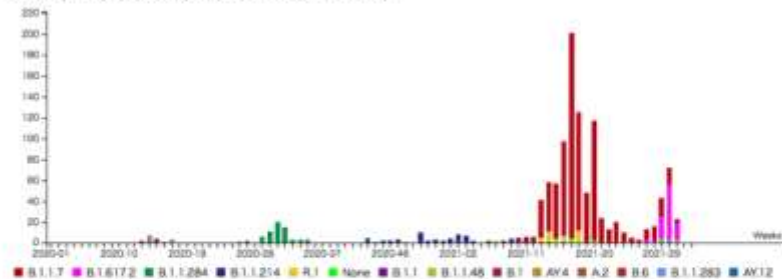
[陽性者数の計算について (集計元)] 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 岡山県

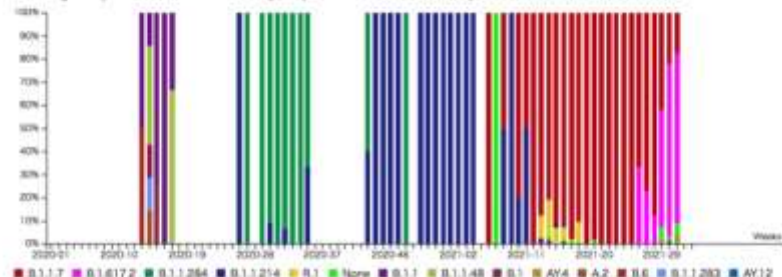
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

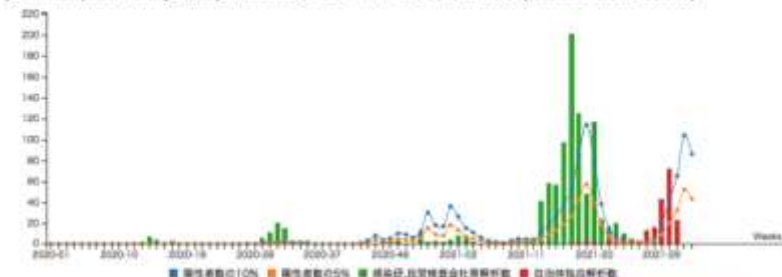
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



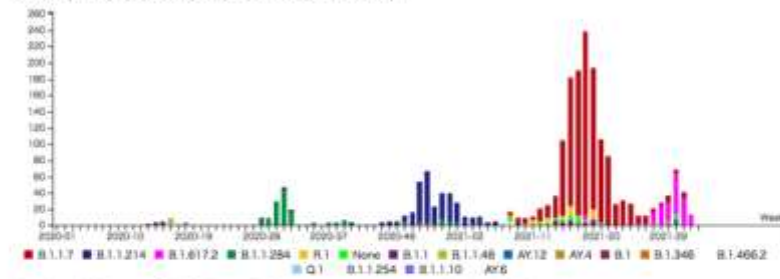
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報-NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>]

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 広島県

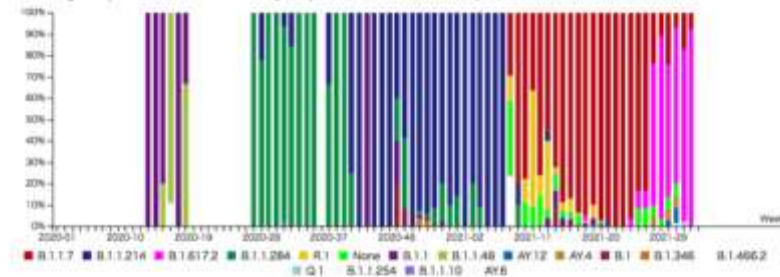
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

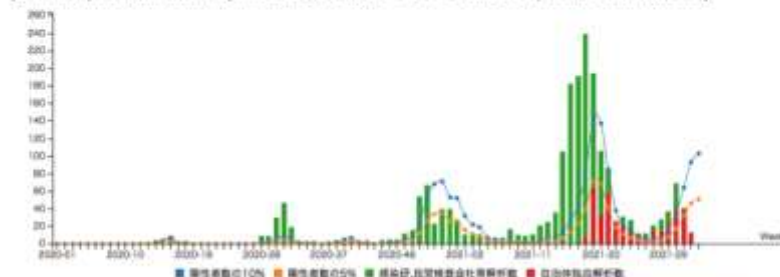
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



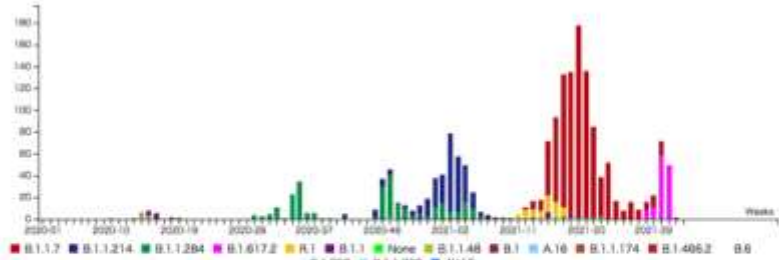
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報-NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>]

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 山口県

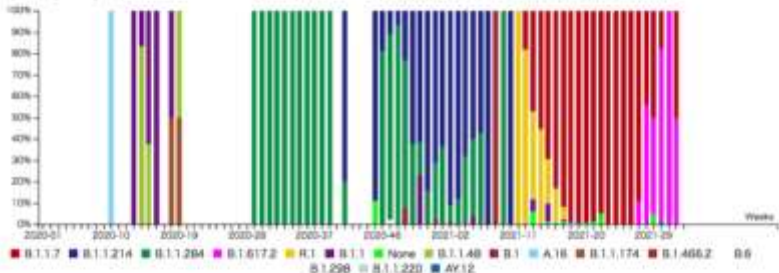
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

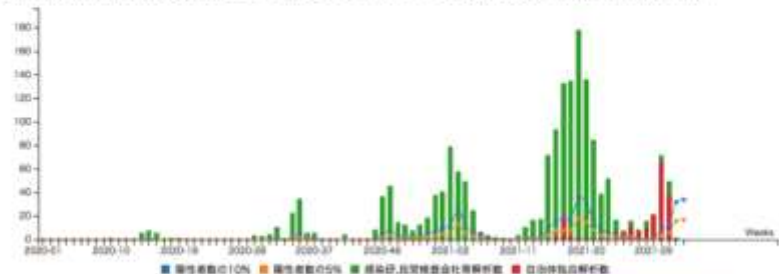
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



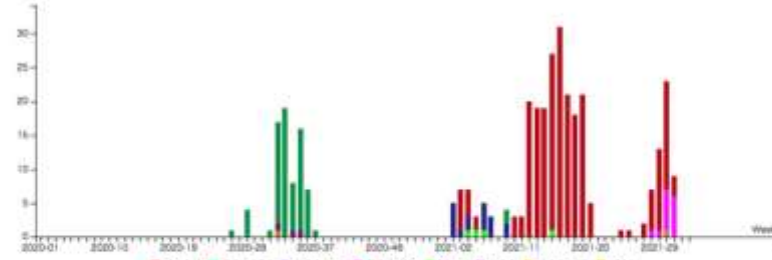
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 徳島県

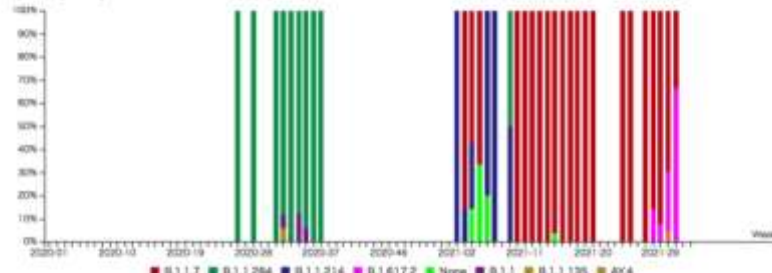
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

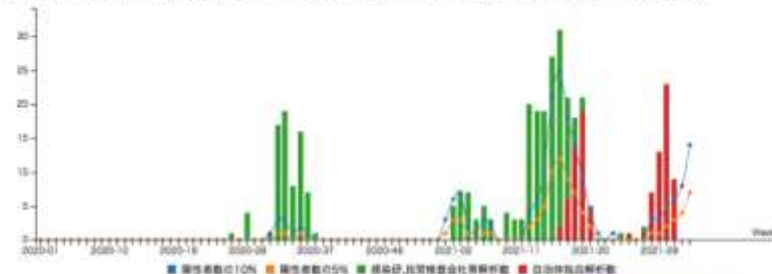
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



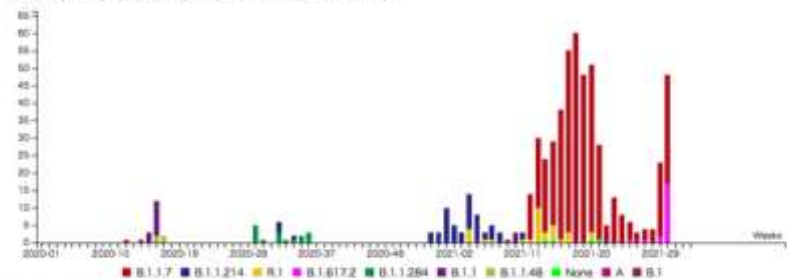
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 香川県

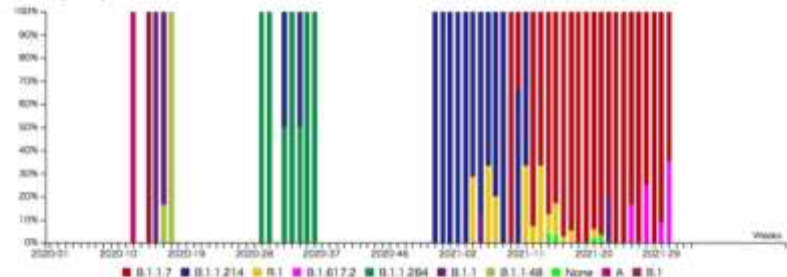
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

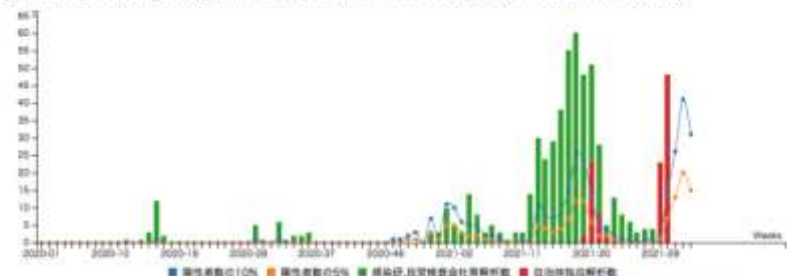
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



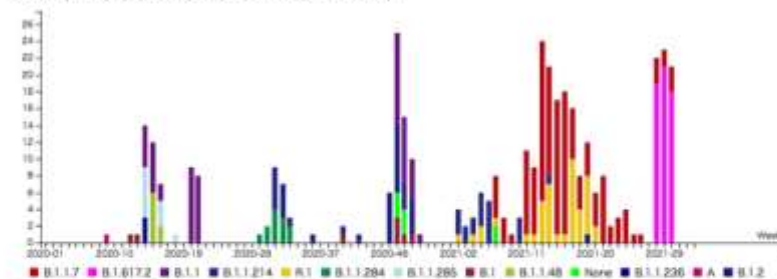
[陽性者数の計算について (集計元) ] 情報NAHまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 愛媛県

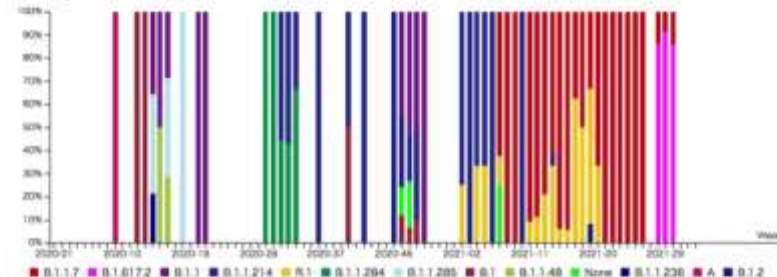
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

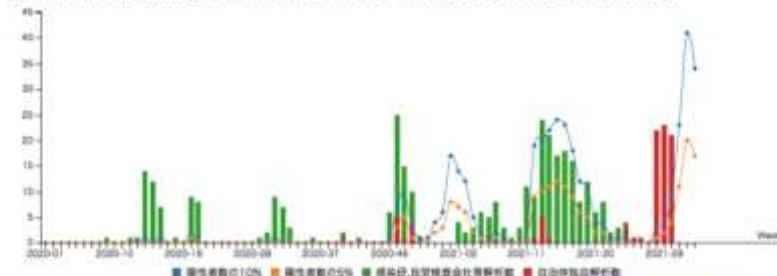
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

[Asia/Japan/Ehime] 陽性者数の10% / 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NAHまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

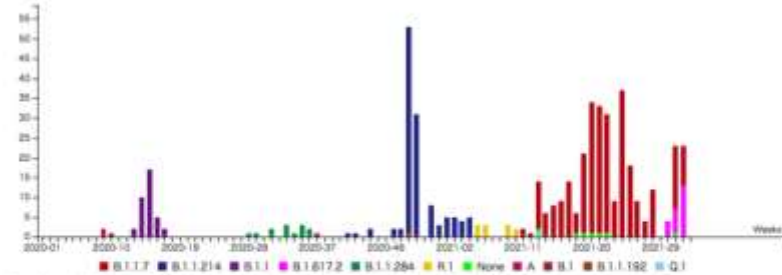
[ゲノム確定数の計算] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)



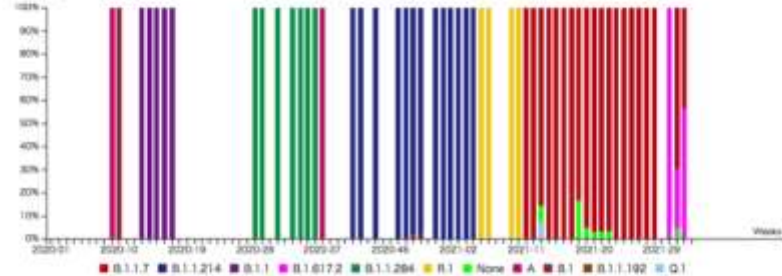
## 高知県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



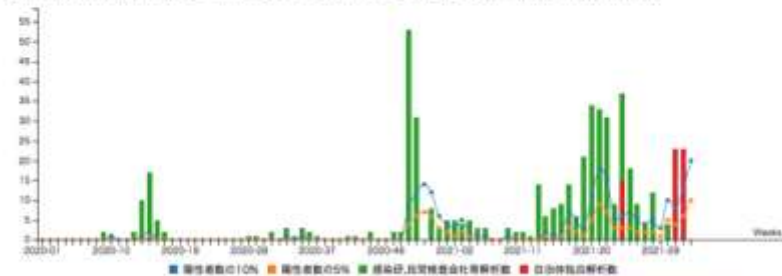
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 [ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象]

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

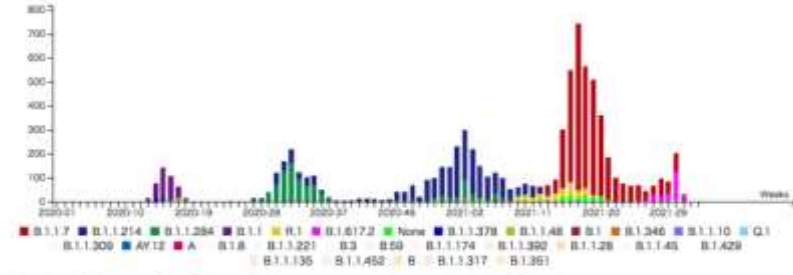
[Asia/Japan/Kochi] 陽性者数の10% / ゲノム確定数 (count each week)



[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] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。  
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

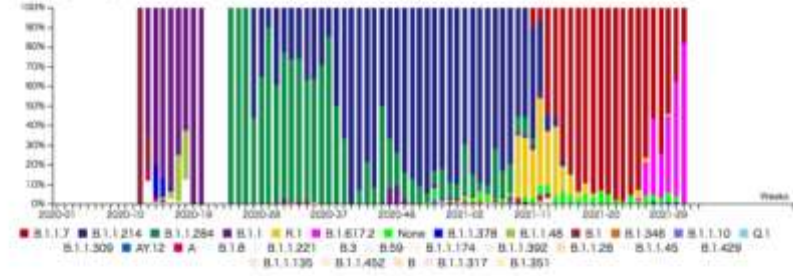
## 福岡県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



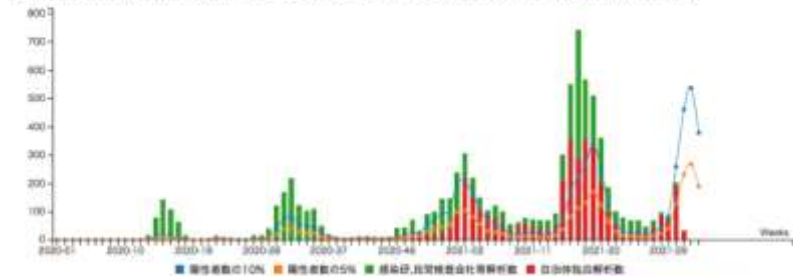
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 [ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象]

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

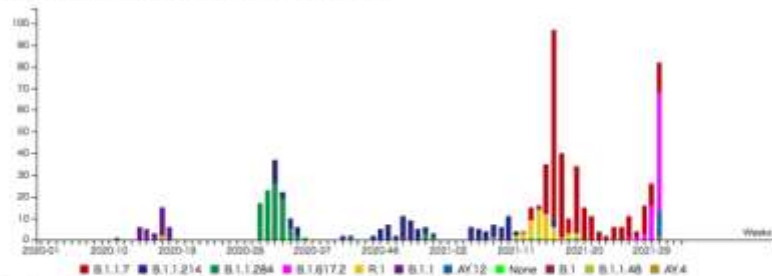


[陽性者数の計算について (集計元) | 情報NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>  
 [ゲノム確定数の計算] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。  
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)



## 佐賀県

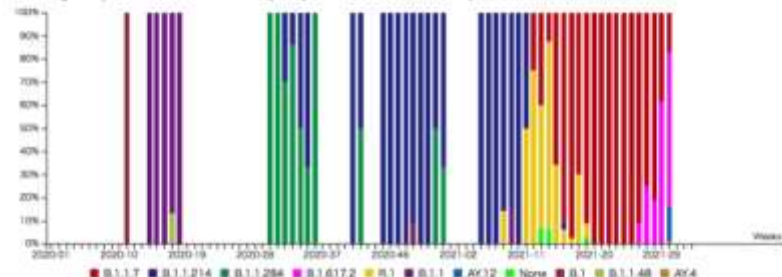
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

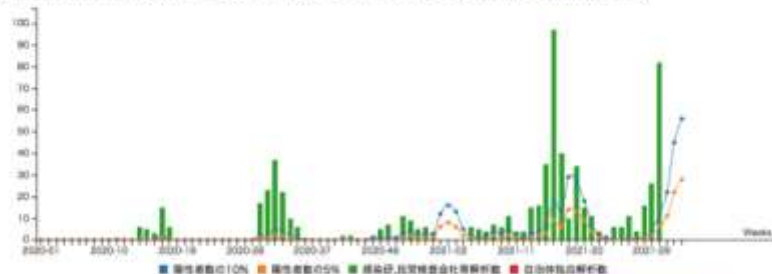
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



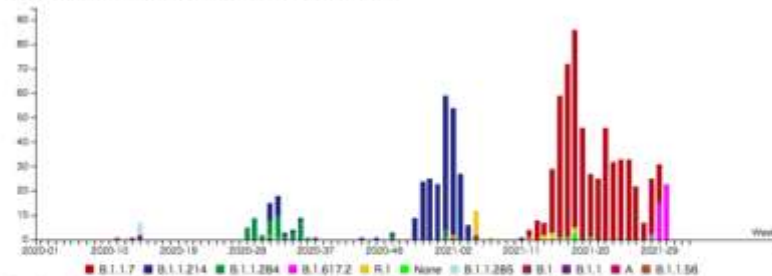
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 長崎県

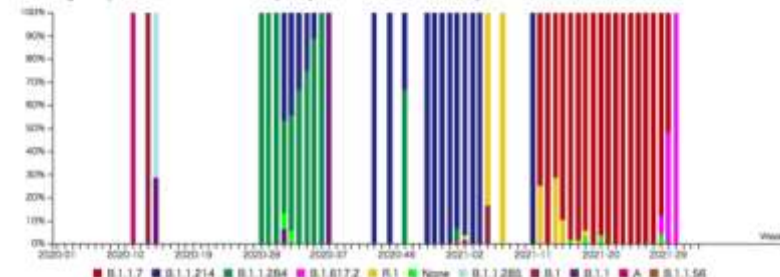
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

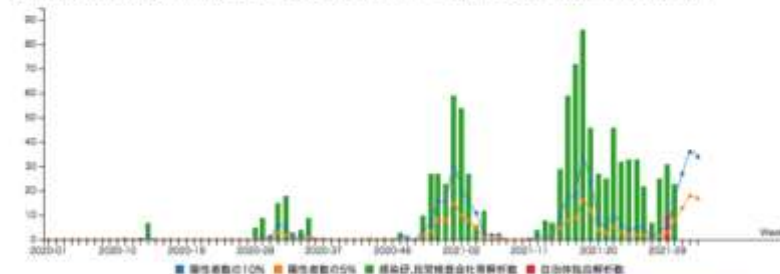
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



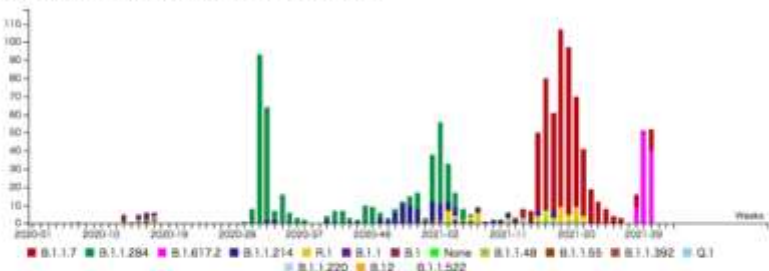
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 熊本県

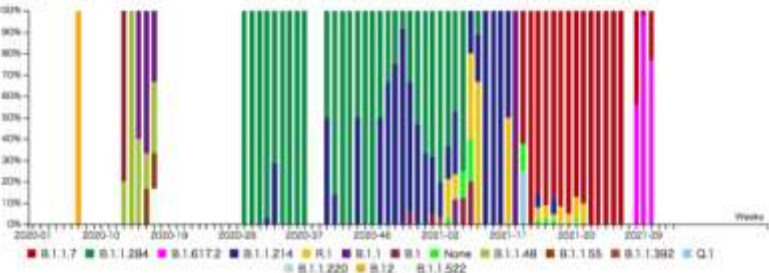
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

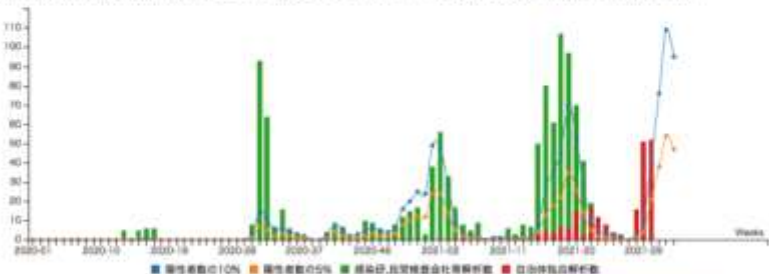
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



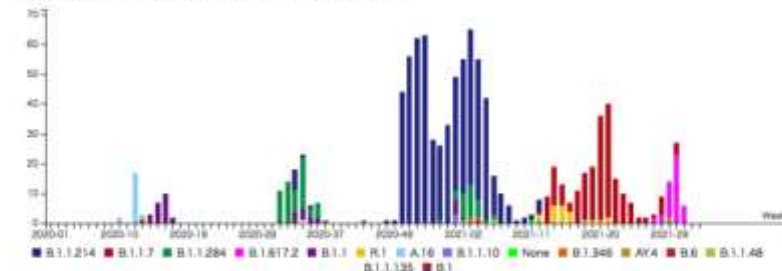
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>]

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

## 大分県

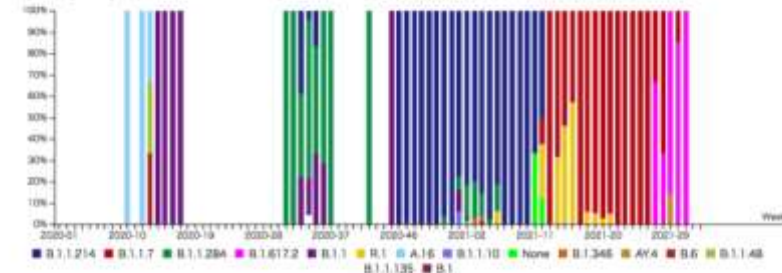
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

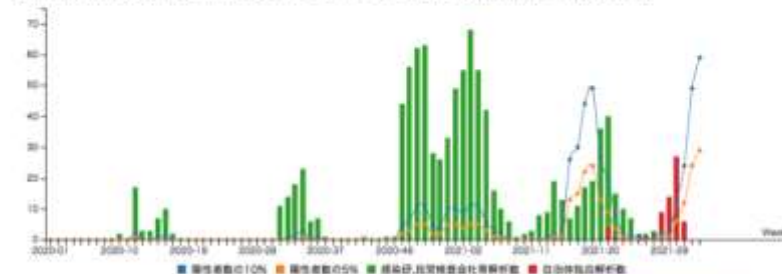
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

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



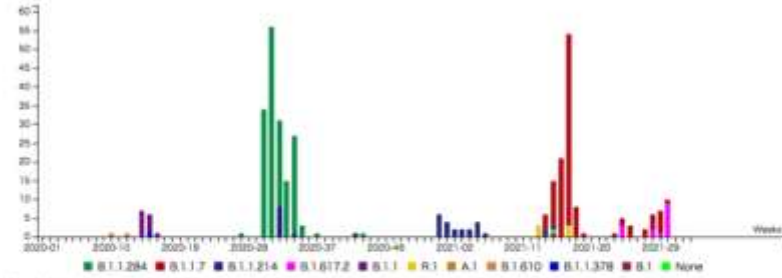
[陽性者数の計算について (集計元) | 情報: NHKまとめ (都道府県別の感染者数より) <https://www3.nhk.or.jp/news/special/coronavirus/data/>]

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

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

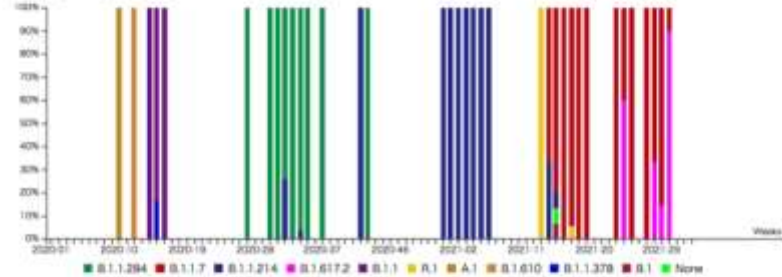
## 宮崎県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



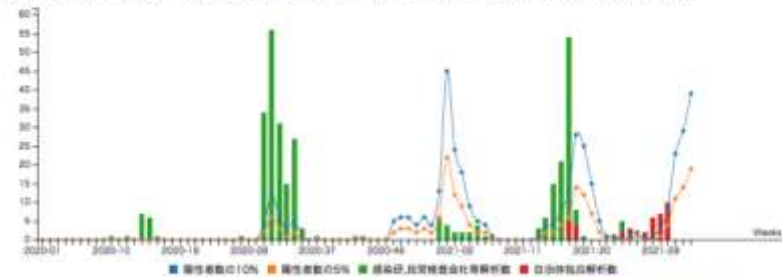
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

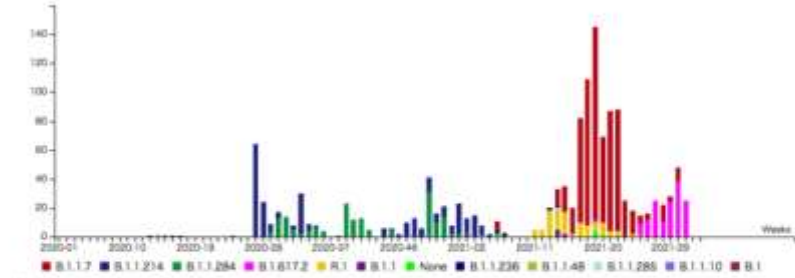
[Asia/Japan/Miyazaki] 陽性者数の10% / ゲノム確定数 (count each week)



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] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。  
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

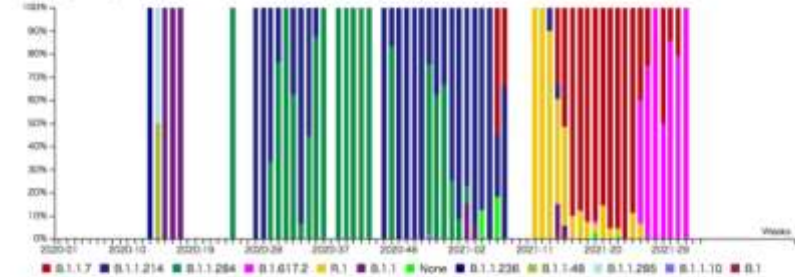
## 鹿児島県

Weekly Top 30 Graph (count each week)



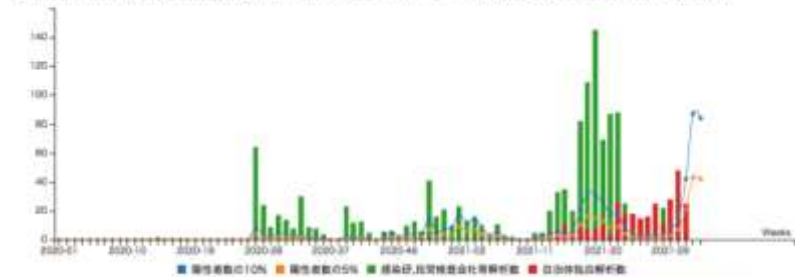
None: Not available correct PANGO lineage with low sequence quality because of low viral RNA load.  
 (ウイルス量が少なくゲノム情報が不十分であり正確に PANGO 系統を判定できない対象)

Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

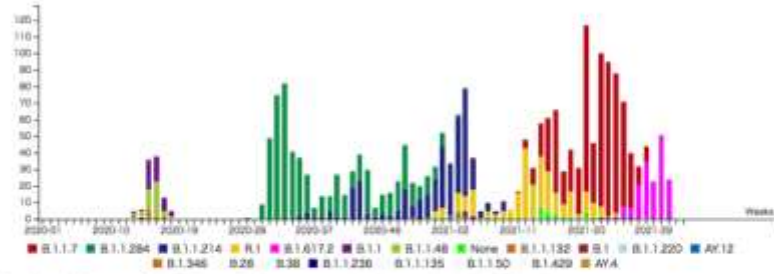
[Asia/Japan/Kagoshima] 陽性者数の10% / ゲノム確定数 (count each week)



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] 感染症での解説分、自治体での解説分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解説分の合計。  
 (いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)

# 沖縄県

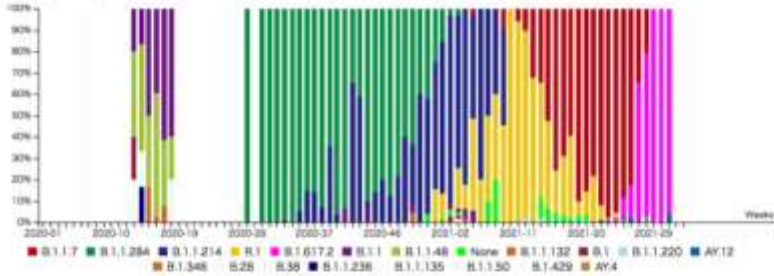
Weekly Top 30 Graph (count each week)



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

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

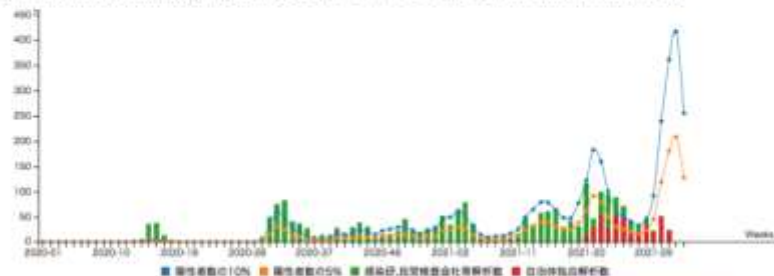
Weekly Top 30 Stacked Graph (count each week)



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

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

[Asia/Japan/Okinawa] 陽性者数の10% / 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) 感染症での解析分、自治体での解析分 (地方衛生研究所)、民間検査会社での解析分の合計。

(いずれも感染症ゲノムセンター把握分を対象として集計実施)