

# 食品安全情報（微生物）No.1 / 2026 (2026.01.07)

国立医薬品食品衛生研究所 安全情報部

(<https://www.nihs.go.jp/dsi/food-info/foodinfonews/index.html>)

## 目次

### 【世界保健機関（WHO）】

1. 世界保健機関（WHO）が抗菌剤の耐性・使用に関するダッシュボードの更新版により新たな知見を提供

### 【米国疾病予防管理センター（US CDC）】

1. 生牡蠣に関して複数州にわたり発生しているサルモネラ（*Salmonella* Telelkebir）感染アウトブレイク（2025年12月23日付初発情報）

### 【カナダ公衆衛生局（PHAC）】

1. 公衆衛生通知：Pillsbury ブランドの冷凍スナック食品「Pizza Pops」に関して発生している大腸菌 O26:H11 感染アウトブレイク（2025年12月24日付更新情報）

### 【Emerging Infectious Diseases (US CDC EID)】

1. サルモネラ（*Salmonella enterica*）の全ゲノムシークエンシング（WGS）解析データを用いた原因汚染食品の予測

### 【欧州委員会健康・食品安全総局（EC DG-SANTE）】

1. 食品および飼料に関する早期警告システム（RASFF : Rapid Alert System for Food and Feed）

### 【ドイツ連邦リスクアセスメント研究所（BfR）】

1. 食品を介した志賀毒素産生性大腸菌（STEC）／腸管出血性大腸菌（EHEC）感染－リスクを認識し予防するための Q&A

## 【国際機関】

### ● 世界保健機関（WHO: World Health Organization）

<https://www.who.int/en/>

世界保健機関（WHO）が抗菌剤の耐性・使用に関するダッシュボードの更新版により新たな知見を提供

Updated WHO dashboard offers new insights on antimicrobial resistance and use  
25 SEPTEMBER 2025

<https://www.who.int/news/item/25-09-2025-updated-who-dashboard-offers-new-insights-on-antimicrobial-resistance-and-use>

世界保健機関（WHO）は、「Global Antimicrobial Resistance and Use Surveillance System (GLASS: グローバル薬剤耐性・使用サーベイランスシステム)」ダッシュボード（以下 Web ページ参照）の強化版を立ち上げ、抗菌剤耐性(AMR)および抗菌剤使用(AMU)の世界的なモニタリングの強化を推進する。

<https://worldhealthorg.shinyapps.io/glass-dashboard/> (GLASS ダッシュボード)

GLASS ダッシュボードには、WHO の世界的サーベイランスイニシアチブに参加する計 141 の「国・領土・地域 (CTA : Countries, Territories, and Areas)」から報告された AMR および AMU の 2016~2023 年のデータが登録されている。

GLASS ダッシュボードは、個々の CTA プロファイルなどを含むデータを全世界・地域・国ごとに提示し、GLASS レポート (<https://www.who.int/initiatives/glass>) で提供されている知見を拡充・補完するものである。レポートでは主要な調査結果を取り上げ実行可能な提言を行うのに対し、ダッシュボードは根拠となる元データへ直接アクセスすることを可能にし、透明性の高い情報提供を支援する。

### ○ GLASS-AMR ダッシュボード : AMR に関する GLASS データが視覚化されたダッシュボード

GLASS-AMR ダッシュボードは報告書「Global antibiotic resistance surveillance report 2025」（以下 Web ページ参照）に掲載予定のサーベイランスカバー率、抗菌剤耐性および年次変化に関する国・地域・世界の推定値の生成に使用される AMR の生データの概要を提供する。

[https://worldhealthorg.shinyapps.io/glass-dashboard/\\_w\\_910bcbf98b4c4ec288e4b9bf2699eed4/#!/amr](https://worldhealthorg.shinyapps.io/glass-dashboard/_w_910bcbf98b4c4ec288e4b9bf2699eed4/#!/amr) (GLASS-AMR ダッシュボード)

<https://www.who.int/publications/i/item/9789240116337> (2025 年版報告書)

## ○ GLASS-AMR ダッシュボードの主な特徴

- ・ 2016～2023 年に計 110 の CTA から GLASS に報告された 2,300 万以上の「細菌学的検査で確定された感染症事例 (BCI : bacteriologically confirmed infection)」が含まれる。
- ・ 血流感染症、感染性胃腸炎、尿路感染症または淋病感染症の患者から高い頻度で分離される 8 種の病原性細菌に関する AMR データが含まれる。
- ・ 11 の抗菌剤クラスにわたる 23 種類の抗菌剤への耐性情報が表示される。
- ・ CTA、地域、病原体および抗菌剤ごとに対象データの抽出が可能。

GLASS-AMR ダッシュボードは 2016～2023 年の期間、国内の AMR システム導入状況およびサーベイランスカバー率など、以下の項目を含む進捗状況をモニタリングした。

- ・ 抗菌剤感受性試験 (AST) の結果を報告した CTA の数。
- ・ 細菌学的検査により感染が確定され、AST の結果も報告されていた患者数。
- ・ AST の結果も報告された、人口 100 万人あたりの感染患者数 (各 CTA の値の中央値を表示)。

## ○ AMR データの視覚化

- ・ 2023 年における AMR の割合の中央値は、各 CTA 間でサーベイランスカバー率に差異があるため、全世界レベルおよび地域レベルで表示される。
- ・ AMR の割合の年次変化は、2018～2023 年の期間の 70%以上の AST データを提出した CTA についてのみ表示される。WHO 加盟地域のうち 5 以上の CTA からデータが得られている地域については、年次変化は各国のサーベイランスデータの中央値および四分位範囲 (IQR) でまとめて表示される。

## ○ GLASS-AMU ダッシュボード : AMU に関する GLASS データが視覚化されたダッシュボード

GLASS-AMU ダッシュボード (以下 Web ページ参照) には、抗菌剤、抗真菌剤、抗ウイルス剤、抗結核薬および抗マラリア薬等の全身性抗菌剤の使用に関する 2016～2023 年の各国のデータが登録されている。

[https://worldhealth.org.shinyapps.io/glass-dashboard/\\_w\\_910bcbf98b4c4ec288e4b9bf2699eed4#!/amu](https://worldhealth.org.shinyapps.io/glass-dashboard/_w_910bcbf98b4c4ec288e4b9bf2699eed4#!/amu) (GLASS-AMU ダッシュボード)

GLASS-AMU ダッシュボードでは、各年について主要なデータの特徴を強調し、その解釈を補助している。直近の GLASS レポート (2022 年データ) の記載によると、AMU は規定 1 日投与量 (DDDs : Defined Daily Doses) から算出され、抗菌剤使用密度 (density of use : 人口 1,000 人・日あたりの DDD) と使用パターンが表示される。主な焦点は抗菌剤使用に関することであり、全体の使用について WHO の AWaRe (Access, Watch, Reserve)

による分類、抗菌剤サブグループ、投薬方法、および使用量の多い抗菌剤に関するデータがある。今回のダッシュボードの更新によりユーザーは、他のクラスの抗菌剤についてもサブグループレベルのデータを調べることが可能となった。

GLASS ダッシュボードで AMU に関する情報は主に以下の 2 つのページから入手可能である：

「Global AMU data」のページでは、全世界レベルにおける年ごとのデータを表示とともに、「WHO Region (WHO 地域分類)」および「income level (所得水準)」ごとに抽出して閲覧可能である。データは各国の分布として中央値および四分位範囲とともに図示されており、数値は国別にカーソルを合わせることで表示される。ユーザーは選択した国の年次変化を参照することができ、データセットをダウンロードすることが可能である。

「Country, territory, or area profiles (国・領土・地域のプロファイル)」のページでは、2016～2023 年のデータに関する表および年次変化などを含む各 CTA のプロファイルの閲覧が可能である。

#### ○ ハイライト

2023 年 12 月までに計 98 の CTA が GLASS-AMU に参加した。このうち 68 の CTA が 2023 年のデータを報告し、10 の CTA が 2016～2022 年の間に少なくとも 1 回データを報告した。2025 年 9 月 25 日時点の GLASS-AMU ダッシュボードでは 73 の CTA からの検証済みデータが表示されている。2023 年には、世界で使用された全抗菌剤のうち AWaRe 分類の「Access」【編者注：一般的な感染症の第一選択薬、または第二選択薬として用いられる耐性化の懸念の少ない抗菌剤で、すべての国が高品質かつ手頃な価格で広く利用できるようにすべき抗菌剤】に分類されたものは 57% であり、「各国で使用する抗菌剤の 70% 以上を「Access」にする」という WHO の目標値を満たしていた CTA は、わずか 3 分の 1 (22/65、34%) であった。

---

#### 【各国政府機関】

- 米国疾病予防管理センター (US CDC: Centers for Disease Control and Prevention)  
<https://www.cdc.gov/>

生牡蠣に関連して複数州にわたり発生しているサルモネラ (*Salmonella* Tebelkebir) 感染アウトブレイク (2025 年 12 月 23 日付初発情報)

## *Salmonella* Outbreak Linked to Raw Oysters

Dec. 23, 2025

<https://www.cdc.gov/salmonella/outbreaks/oysters-12-25/index.html>

<https://www.cdc.gov/salmonella/outbreaks/oysters-12-25/investigation.html>

(Investigation Update)

<https://www.cdc.gov/salmonella/outbreaks/oysters-12-25/locations.html> (Locations)

<https://www.cdc.gov/salmonella/outbreaks/oysters-12-25/timeline.html> (Timeline)

米国疾病予防管理センター（US CDC）、複数州の公衆衛生・食品規制当局、および米国食品医薬品局（US FDA）は、複数州にわたり発生しているサルモネラ（*Salmonella* *Tevelkebir*）感染アウトブレイクの原因食品を特定するため様々なデータを収集している。

疫学データは、牡蠣がサルモネラに汚染され、本アウトブレイクの感染源となっている可能性があることを示している。CDC および FDA は、これらの牡蠣の供給元について調査を行っている。

### ○ 疫学データ

2025年12月23日時点で、*S. Tevelkebir* アウトブレイク株感染患者が22州から計64人報告されている（図1）。患者の発症日は2025年6月21日～11月28日である（図2）。情報が得られた患者44人のうち20人が入院し、死者は報告されていない。

図 1: サルモネラ (*Salmonella* Telovelkebir) 感染アウトブレイクの居住州別患者数 (2025 年 12 月 23 日時点の計 64 人)

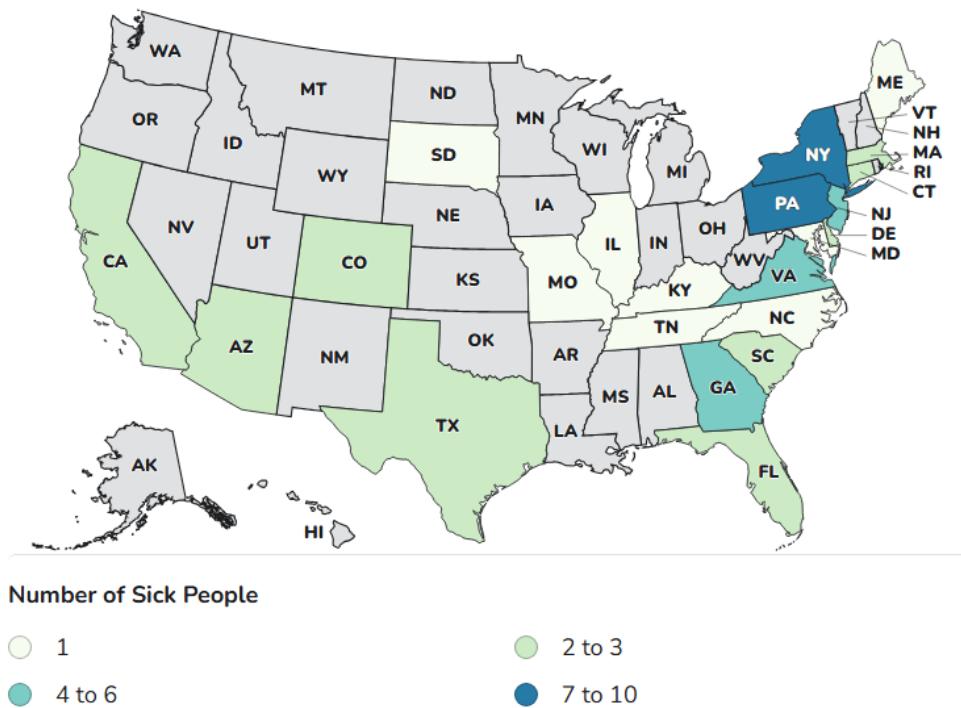
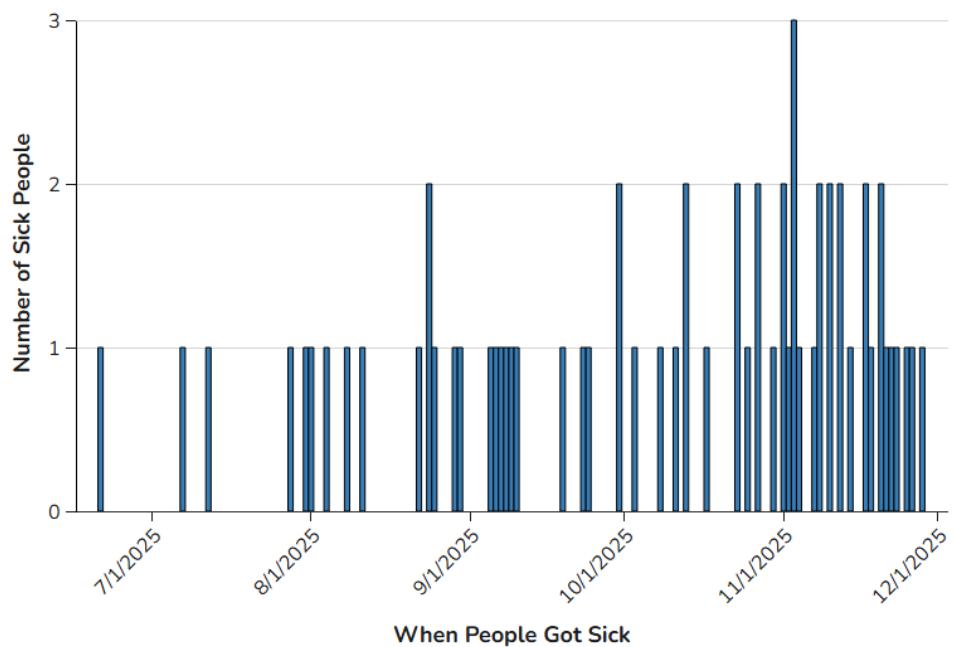


図2: サルモネラ (*Salmonella* Telovelkebir) 感染アウトブレイクの発症日別患者数 (2025年12月23日時点の計64人)



公衆衛生当局は、患者の年齢・人種・民族・その他の人口統計学的特徴、および患者が発症前 1 週間に喫食した食品など、患者に関する様々な情報を多数収集している。これらの情報は、アウトブレイク調査で感染源を特定するための手掛かりとなる。

本アウトブレイクの患者について得られた人口統計学的情報は以下の通りである (n は当該情報が得られた患者の数)。

年齢 (n=55)	年齢範囲：10～76 歳 年齢中央値：52 歳
性別 (n=64)	36%：女性 65%：男性
人種 (n=41)	85%：白人 12%：アフリカ系アメリカ人または黒人 2%：ハワイ先住民またはその他の太平洋諸島の住民
民族 (n=41)	95%：非ヒスパニック系 5%：ヒスパニック系

【編者注：性別および人種において割合の合計は 100%になっていない】

各州・地域の公衆衛生当局は、患者が発症前 1 週間に喫食した食品に関する聞き取り調査を行っている。聞き取りが実施された患者 27 人のうち、20 人 (74%) が生牡蠣を喫食したと報告した。この割合は、過去に実施された FoodNet の住民調査（以下 Web ページ参照）において回答者の 1.6%が調査実施日前 1 週間に生牡蠣を喫食したと報告した結果と比べ有意に高かった。

<https://www.cdc.gov/foodnet/surveys/population.html>

この喫食率の差は、本アウトブレイクの患者が生牡蠣の喫食により感染したことを示唆している。

## ○ 検査機関での検査データ

本アウトブレイクの公衆衛生調査では、アウトブレイク患者を特定するために PulseNet（食品由来疾患サーベイランスのための分子生物学的サブタイピングネットワーク）のシステムを利用している。CDC の PulseNet 部門は、食品由来疾患の原因菌の DNA フィンガープリントの国内データベースを管理している。原因菌の分離株には、全ゲノムシークエンシング (WGS) 法により DNA フィンガープリンティングが行われる。

WGS 解析により、本アウトブレイクの患者由来検体から分離されたサルモネラ株が遺伝学的に相互に近縁であることが示された。この結果は、本アウトブレイクの患者が同じ食品により感染した可能性があることを示唆している。

WGS 解析の結果、患者由来 59 検体から分離されたサルモネラ株については抗生物質耐性の存在は予測されなかった。抗生物質耐性に関する詳細情報は、CDC の以下の全米抗菌

剤耐性モニタリングシステム（NARMS）の Web ページから入手可能である。

<https://www.cdc.gov/narms/about/index.html>

○ 公衆衛生上の措置

生牡蠣は年間を通じて細菌汚染の可能性がある。CDC は、食中毒のリスクを減らすため、喫食前に牡蠣を加熱するよう注意喚起している。

---

● カナダ公衆衛生局（PHAC: Public Health Agency of Canada）

<https://health.canada.ca/index-phac-aspc.php>

公衆衛生通知：Pillsbury ブランドの冷凍スナック食品「Pizza Pops」に関連して発生している大腸菌 O26:H11 感染アウトブレイク（2025 年 12 月 24 日付更新情報）

Public health notice: Outbreak of *E. coli* infections linked to Pillsbury brand Pizza Pops December 24, 2025: Update

<https://www.canada.ca/en/public-health/services/public-health-notices/2025/outbreak-e-coli-infections-pillsbury-pizza-pops.html>

カナダ公衆衛生局（PHAC）は、Pillsbury ブランドの冷凍スナック食品「Pizza Pops」に関連して発生している大腸菌 O26:H11 感染アウトブレイクに関する公衆衛生通知を更新した。

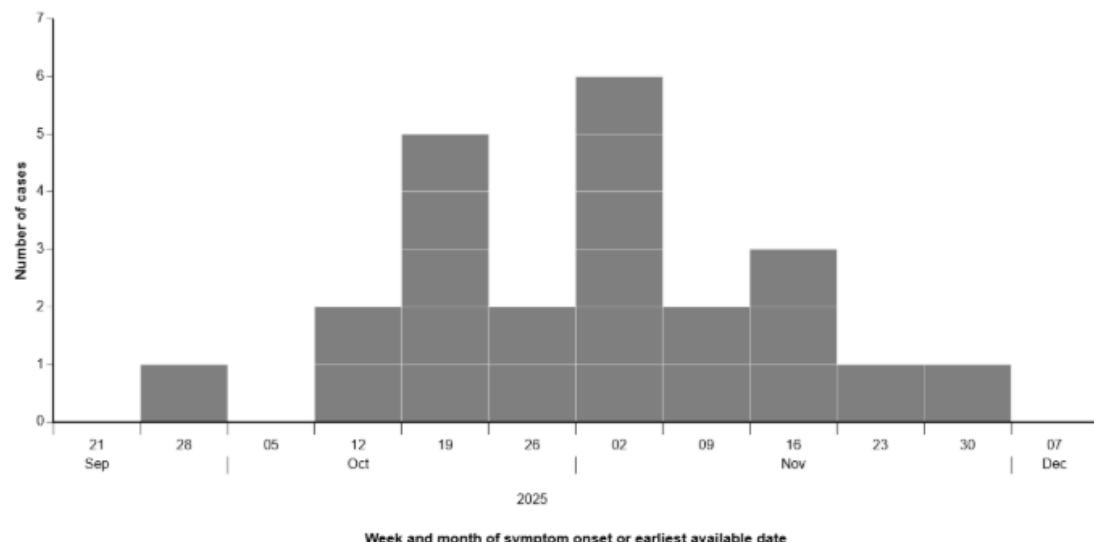
本アウトブレイクの調査は継続している。

○ 調査の概要

本アウトブレイクに関連して、検査機関で大腸菌 O26:H11 感染が確定した患者が 7 州から計 23 人報告されている。州別の内訳は、ブリティッシュ・コロンビア（3 人）、アルバータ（9）、サスカチュワン（5）、マニトバ（2）、オンタリオ（2）、ニューブランズウィック（1）およびニューファンドランド・ラブラドール（1）である。患者の発症日は 2025 年 10 月上旬～11 月下旬である（図）。報告患者のうち 5 人が入院し、死亡者はいない。患者の年齢範囲は 1～87 歳で、52%が女性である。

図：大腸菌 O26:H11 感染アウトブレイクの発症週別患者数（2025 年 12 月 24 日時点の計 23 人）

Figure 1: Number of people infected with *E. coli* O26:H11



患者の多くが Pillsbury ブランドの「Pizza Pops」の喫食または当該製品への接触を報告した。調査は継続しているため、本アウトブレイクに関連した別の食品が新たに特定される可能性がある。

（食品安全情報（微生物）No.26 / 2025（2024.12.24）PHAC 記事参照）

---

● Emerging Infectious Diseases (US CDC EID)

<https://wwwnc.cdc.gov/eid/>

サルモネラ (*Salmonella enterica*) の全ゲノムシークエンシング (WGS) 解析データを用いた原因汚染食品の予測

Attribution of *Salmonella enterica* to Food Sources by Using Whole-Genome Sequencing Data

Emerging Infectious Diseases. 2025;31(4):783-790.

<https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/31/4/pdfs/24-1172-combined.pdf> (論文 PDF)

[https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/31/4/24-1172\\_article](https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/31/4/24-1172_article)

## 要旨

サルモネラ (*Salmonella enterica*) 菌は米国における食品由来疾患の主要な原因である。しかし、ほとんどのサルモネラ感染患者は既知のアウトブレイクとは関連しておらず、このような散発性患者の感染源を予測することは依然として課題である。本研究では、米国におけるヒトサルモネラ症患者に関連した最も可能性の高い原因汚染食品を特定するために、「教師あり学習のランダムフォレストモデル (supervised random forest model)」を用いた。単一の食品から分離されたサルモネラ分離株 18,661 株の全ゲノム多座塩基配列タイピング (wgMLST) データを用いてモデルを学習させ、特徴選択により、予測に最も有力な遺伝子座のサブセットを特定した。学習済みモデル (trained model) を out-of-bag (OOB) 全体で検証したところ正解率は 91% であり、最も高い正解率を示したのは鶏肉 (97%) であった。この学習済みモデルを、原因汚染食品が不明であった事例の患者由来サルモネラ分離株 6,470 株に適用し、原因汚染食品を予測した。本モデルから、患者由来サルモネラ分離株の 33% 超が鶏肉由来、および 27% が野菜由来であることが予測された。

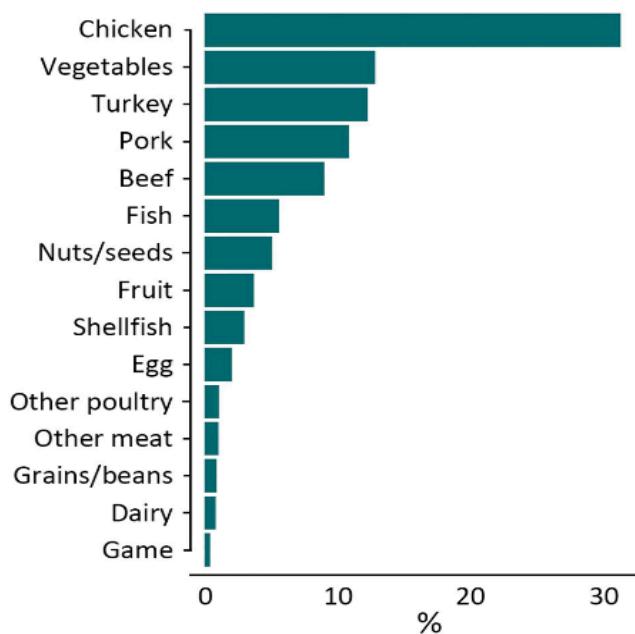
## 結果

### ○ モデルの学習用の既知の原因汚染食品に由来するサルモネラ分離株の全ゲノムシークエンシング (WGS) データ

18,661 株の分離株情報を用いてランダムフォレストモデルを学習させた。このうち 16,756 株 (89.7% 【編者注 : 89.8%】) は単一の食品由来であり、1,905 株 (10.2%) は食用動物の盲腸検体由来であった。本解析では、盲腸由来分離株を当該食用動物に由来する代表的な株であると仮定した。分離株は世界中で採取されたものが含まれていたが、ほとんどの分離株 (76%) は米国で採取されたものであった。採取年が判明している分離株のうち、603 株 (3.2%) は 2002 年以前、8,409 株 (45.3%) は 2003~2013 年、9,038 株 (48.7%) は 2014~2017 年、また 505 株 (2.7%) は 2018 年以降に採取されたものであった。106 株 (0.6%) については採取年が不明であった。

最も多かった原因汚染食品は鶏肉 (n=5,833、31.3%) であり、次いで野菜 (n=2,390、12.8%)、七面鳥 (n=2,288、12.3%)、豚肉 (n=2,026、10.9%) であった (図 1)。

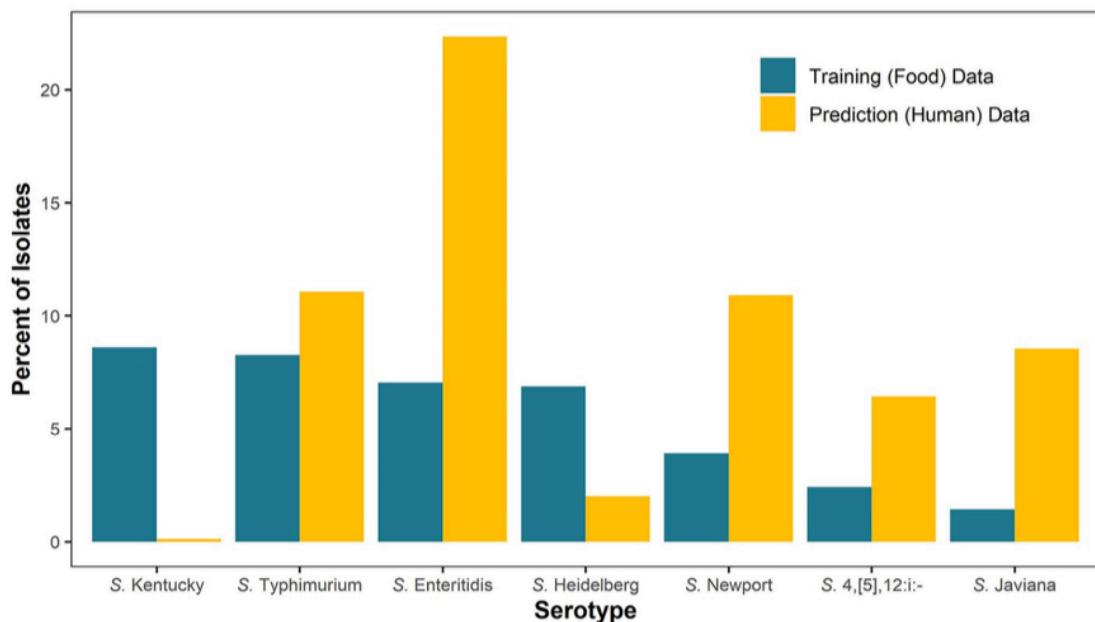
図 1：2003～2018 年にかけて米国およびその他の国で特定された単一の原因汚染食品から分離されたサルモネラ株（ランダムフォレストモデルの学習用データとして使用）の食品カテゴリ別割合（N=18,661、2002 年以前に収集された 603 株を含む）



**Figure 1.** Percentage of *Salmonella* isolates collected from known single source foods in the United States and other countries from 2003–2018 (used as training data in random forest model), by food category (N = 18,661, including 603 isolates collected before 2003).

ランダムフォレストモデルの開発では、不均衡データに対処するためのコスト考慮型学習（cost-sensitive learning）アプローチである Inverse Class Weighting（少数クラスを誤分類した際に重いペナルティを課す手法）を用いることで、モデル学習用データの 15 カテゴリーにわたって観察された偏った分布を考慮した。最も多かった血清型は、*Salmonella* Kentucky (n=1,604、8.6%) であり、次いで *S. Typhimurium* (n=1,539、8.2%)、*S. Enteritidis* (n=1,311、7.0%)、*S. Heidelberg* (n=1,280、6.9%) であった（補遺図 1）。染色体上の遺伝子座は計 22,457 個存在し、うち 3,002 個がコア遺伝子座、8,143 個が分離株の 1% 超に存在する遺伝子座であった。これらの遺伝子座の中で、1 つの遺伝子座における固有のアレル（unique allele）の数は 2～5,509 の範囲であった。固有のアレルの数の中央値は 134（四分位範囲 28～465）であった。

補遺図 1: 単一の原因汚染食品から分離されランダムフォレストモデルの学習に使用されたサルモネラ株 (N=18,661、青色)、およびサルモネラ症患者から分離されモデル推定に使用されたサルモネラ株 (N=6,470、黄色) の血清型別内訳



**Appendix 2 Figure 1.** Proportion of *Salmonella* isolates by serotype for the isolates collected from single food sources and used to train the random forest model (N = 18,661; blue) and isolates collected from humans with salmonellosis and used for model prediction (N = 6,470; yellow).

#### ○ 原因汚染食品不明のサルモネラ症患者由来分離株の WGS データ

患者由来サルモネラ分離株の原因汚染食品予測には、感染源が不明で海外渡航歴の報告がされていない患者から採取した 6,470 分離株を用いた。分離株は 2014～2017 年に採取されたものであり、2014 年に 280 株 (4.3%)、2015 年に 833 株 (12.9%)、2016 年に 2,429 株 (37.5%) および 2017 年に 2,928 株 (45.2% 【編者注：45.3%】) が採取された。分離株の大多数 (88%) はアウトブレイクに関連していなかった。患者由来分離株で最も多かった血清型は *S. Enteritidis* (n=1,446, 22.3%) であり、次いで *S. Typhimurium* (n=716, 11.1%)、*S. Newport* (n=706, 10.9%)、*S. Javiana* (n=553, 8.5%)、4,[5],12:i:- (n=416, 6.4%) であった (補遺図 1)。

#### ○ Permutation Importance (PI) およびモデル性能

食品データに対して層化分割 (stratified split; 学習用 75%、テスト用 25%) を適用し、Permutation Importance (PI) および Inverse Class Weighting を用いた場合、中央値検定データモデルの正解率は、上位 10 遺伝子座使用時の 0.51 から上位 7,360 遺伝子座使用時の 0.74 までの範囲であった。この 7,360 遺伝子座のうち、2,987 がコア遺伝子座であつ

た。中央値  $\kappa$  は上位 7,360 遺伝子座使用時に 0.70 で最大になったため、このモデルを最適モデルとして選択した。

混同行列 (confusion matrix) では OOB 推定誤分類率を用いて、学習用分離株における各クラス間の正解率と誤分類パターンが示されている (図 2)。OOB 全分離株を用いた際のモデルの全体的な正解率は 0.81 であった。モデルの性能が最も発揮されたのは鶏肉 (OOB 正解率 0.95) で、七面鳥 (0.88)、豚肉 (0.83)、野菜 (0.82)、牛肉 (0.77) など、他の一般的に知られるサルモネラ汚染食品に対しても良好な性能を示した。本モデルは、あまり一般的でない原因食品に対して正解率が特に低かった。正解率が 0.40 未満であったものは、狩猟肉 (0.10)、乳製品 (0.29)、その他の肉類 (0.39) であった。

単一の食品カテゴリーの最大予測確率が 0.50 以上の 14,888 分離株に限定して OOB 推定誤分類率を評価したところ、全体的な正解率は 0.91 に上昇した。鶏肉では最高の正解率 (0.97) が観察された (図 2)。さらに、各食品カテゴリーの正解率が向上し、狩猟肉 (0.16) と乳製品 (0.45) を除く全てのカテゴリーの正解率が 0.50 を超えた。

図 2: 米国およびその他の国で 2003~2018 年にかけて单一の食品カテゴリーから分離されたサルモネラ株、ならびに 2002 年以前に分離された 603 株を用いて学習させたランダムフォレストモデルの混同行列。A: 単一の食品カテゴリー由来の全サルモネラ株 (N=18,661) に対する混同行列、B: 最大予測確率が 0.50 以上となった单一の食品カテゴリーのみに由来するサルモネラ株 (N=14,888) に対するランダムフォレストモデルの混同行列

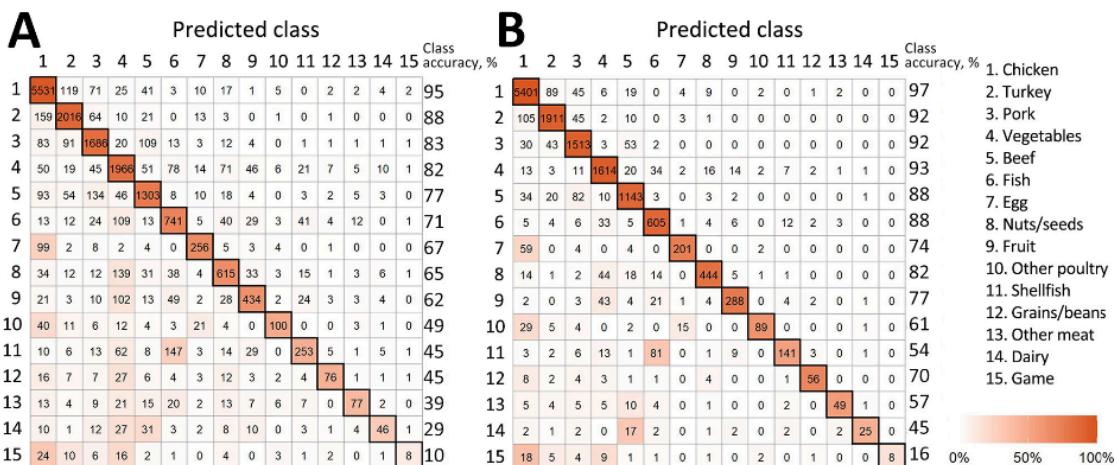


Figure 2. Confusion matrix from the random forest model trained on *Salmonella* isolates collected from single food categories in the United States and other countries from 2003–2018 and 603 isolates collected before 2003. A) Confusion matrix for all *Salmonella* isolates from single food categories (N = 18,661). B) Confusion matrix from the random forest model for *Salmonella* isolates from single food categories with a maximum predictive probability of  $\geq 0.50$  (n = 14,888).

### ○ 原因食品不明の患者由来サルモネラ分離株に対するモデル予測

国外旅行歴がなく感染源が不明な患者すべてにおいて、特に多く予測された原因汚染食品は鶏肉 (n=2,170、34%) および野菜 (n=1,924、30%) であった。その他の原因汚染食品

はいずれも 10%未満であった（図 3A）。最大予測確率が 0.50 未満の患者分離株を「原因汚染食品不明」と分類した場合、分離株の 44% (n=2,859) が「原因汚染食品不明」と判定された。予測確率が 0.50 以上の予測は信頼性が高く、保持される（すなわち「原因汚染食品不明」として再分類されない）。また予測確率が 0.50 以上の予測は、学習データで観察されたように、少数クラスの食品カテゴリーではなく、多数クラスの食品カテゴリー（鶏肉や野菜など）から生じる可能性が高い。予測確率が 0.50 以上で既知の原因汚染食品に分類された分離株のうち、46% (n=1,694) は鶏肉由来、27% (n=987) は野菜由来と予測され、その他の原因汚染食品はいずれも 10%未満であった（図 3B）。血清型別では、*S. Enteritidis*、*S. Typhimurium*、*S. Heidelberg* および *S. Infantis* に関して最も多く予測された原因汚染食品は鶏肉であった。また *S. Javiana* および *S. Newport* では野菜が、*S. 4,[5],12:i:-* では豚肉が最も多く予測された原因汚染食品であった。

図 3： 2014～2017 年にかけて食品由来疾患アクティブサーベイランスネットワーク (FoodNet) に報告された、国外旅行歴のない米国の患者から分離された全ゲノム配列決定済みサルモネラについて原因汚染食品をランダムフォレストモデルにより予測。A：全患者 (N=6,470) における原因汚染食品の予測、B：単一の食品カテゴリーへの予測確率が 0.50 以上の分離株 (n=3,686) に限定した時の原因汚染食品の予測

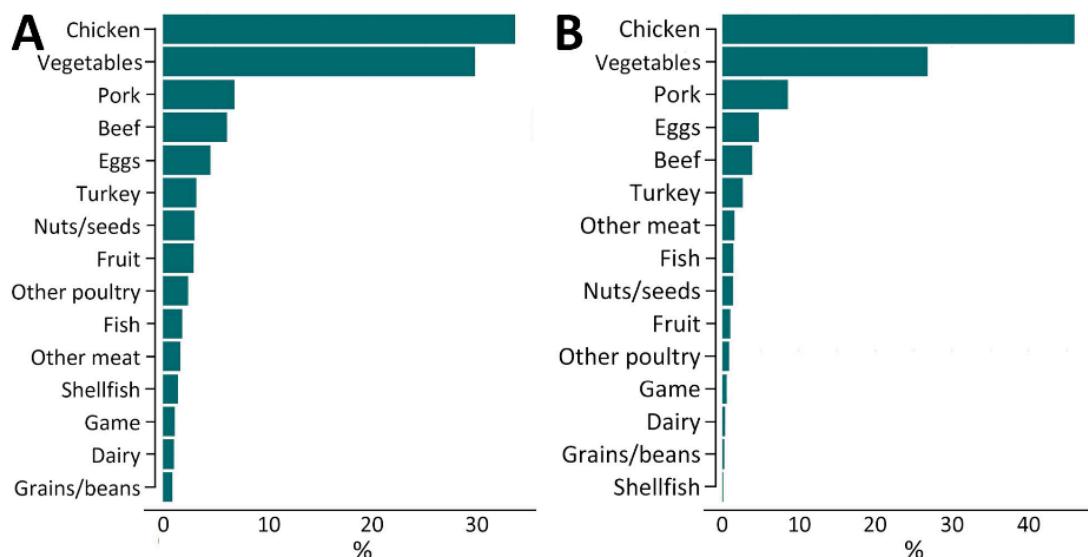


Figure 3. Predictions from a random forest model of sources of US human illnesses among patients without reported history of international travel who had whole-genome sequenced *Salmonella* isolates reported to the Foodborne Diseases Active Surveillance Network, 2014–2017. A) Predictions of sources of human illnesses among all patients (N = 6,470). B) Predictions of food category sources of human illnesses among patients renormalized among isolates with a  $\geq 0.50$  probability of attribution to a single food category (n = 3,686).

- 欧州委員会健康・食品安全総局 (EC DG-SANTE: Directorate-General for Health and Food Safety)

[https://commission.europa.eu/about/departments-and-executive-agencies/health-and-food-safety\\_en](https://commission.europa.eu/about/departments-and-executive-agencies/health-and-food-safety_en)

食品および飼料に関する早期警告システム (RASFF : Rapid Alert System for Food and Feed)

[https://food.ec.europa.eu/food-safety/rasff\\_en](https://food.ec.europa.eu/food-safety/rasff_en)

RASFF Portal Database

<https://webgate.ec.europa.eu/rasff-window/screen/search>

Notifications list

<https://webgate.ec.europa.eu/rasff-window/screen/list>

2025年12月16～22日の主な通知内容

#### 警報通知 (Alert Notification)

ポーランド産家禽肉ケバブのサルモネラ属菌、ポーランド産ケバブ肉（家禽・牛）のサルモネラ（C1）、チェコ産牛タルタルステーキのリストリア（*L. monocytogenes*）、ポーランド産イヌ用餌（dogchew）のサルモネラ属菌、ハンガリー産スモーク鴨肉のリストリア（*L. monocytogenes*）、スロバキア産冷凍鶏肉製品のサルモネラ属菌、ハンガリー産ローストチキンのリストリア（*L. monocytogenes*）、ウルグアイ産の生鮮牛肉の志賀毒素産生性大腸菌、オランダ産乳幼児用食品のセレウス菌、英國産ペットフードのサルモネラなど。

#### 注意喚起情報 (Information Notification for Attention)

ポーランド産鶏首皮のサルモネラ属菌（O7（C1）、1/5 検体陽性）、ウクライナ産冷蔵鶏肉のサルモネラ（*S. Infantis*）、ベトナム産冷凍カエル脚肉のサルモネラ属菌、ポーランド産の生鮮ブロイラーむね肉のカンピロバクター属菌、ポーランド産鶏もも肉のサルモネラ（*S. Infantis*、1/5 検体陽性）、ポーランド産の生鮮鶏むね肉のサルモネラ、イタリア産冷凍殻むき食用カタツムリのリストリア（*L. monocytogenes*）、ドイツ産（ポーランド産原材料使用）ドネルケバブのリストリア（*L. monocytogenes*）、ポーランド産鶏肉のサルモネラ（*S. Enteritidis*）、ポーランド産の生鮮鶏脚肉（骨なし）のサルモネラ（*S. Newport*、1/5 検体陽性）、ルーマニア産の生鮮家禽肉のサルモネラ（*S. Enteritidis*）など。

#### フォローアップ喚起情報 (Information Notification for follow-up)

オランダ産冷凍鶏脚肉のサルモネラ (*S. Infantis*)、ポーランド産冷凍鶏肉のサルモネラ (*S. Infantis*、*S. Derby*、*S. Newport*)、フランス産イヌ用餌 (dogchew) のサルモネラ (*S. Typhimurium*)、ベルギー産動物副産物 (カテゴリー3) のサルモネラ、イタリア産有機菜種搾油粕のサルモネラ (*S. Fresno*、*S. Senftenberg* など)、ドイツ産菜種ミールのサルモネラ (*S. Cubana*)、ポーランド産の生鮮鶏首皮のサルモネラ属菌 (25g 検体 1/5 陽性)、ポーランド産冷凍ガチョウ肉のサルモネラ (*S. Newport*)、ポーランド産解凍天然スモークサーモンのアニサキス属、ルーマニア産冷凍鶏肉のサルモネラ (*S. Infantis*)、ポーランド産菜種ミールのサルモネラ (*S. Mbandaka*) など。

#### 通関拒否通知 (Border Rejection Notification)

シリア産タヒニのサルモネラ、北マケドニア産ブドウ糖の好気性中温菌とカビ、エクアドル産エビのコレラ菌など。

- 
- ドイツ連邦リスクアセスメント研究所 (BfR: Bundesinstitut für Risikobewertung)  
<https://www.bfr.bund.de/>

#### 食品を介した志賀毒素産生性大腸菌 (STEC) ／腸管出血性大腸菌 (EHEC) 感染 – リスクを認識し予防するための Q&A

STEC/EHEC infections through food: identifying and preventing risks

02/10/2025

[https://www.bfr.bund.de/assets/01\\_Veröffentlichungen/FAQ\\_englisch/stec-ehec-infections-through-food-identifying-and-preventing-risks.pdf](https://www.bfr.bund.de/assets/01_Veröffentlichungen/FAQ_englisch/stec-ehec-infections-through-food-identifying-and-preventing-risks.pdf) (PDF 版)

<https://www.bfr.bund.de/en/service/frequently-asked-questions/topic/stec-ehec-infections-through-food-identifying-and-preventing-risks/>

志賀毒素産生性大腸菌 (STEC : Shiga toxin-producing *Escherichia (E. coli)*) は、主に汚染食品を介してヒトに感染する。STEC は志賀毒素 (旧称 : ベロ毒素) を有しており、これはヒトの重篤な疾患の原因となり得る強い細胞毒性を持つ。重篤な疾患には下痢 (出血性を含む) および溶血性尿毒症症候群 (HUS) などが含まれ、腎不全につながる可能性がある。STEC は腸管出血性大腸菌 (EHEC : enterohaemorrhagic *E. coli*) と呼ばれることも多い。

STEC の代表的な血清型として最もよく知られているのは O157:H7 である。O157:H7

は、重篤な疾患および世界各国で発生するアウトブレイクに最も頻繁に関与しており、多数の患者に健康被害をもたらしている。しかしながら、STEC のその他の血清型が重篤な患者から検出される例も増加している。STEC は、腸内細菌叢に存在するその他の大腸菌と一般的な特性に差異がないため識別が困難である。したがって、STEC を同定するためには、志賀毒素の検出および必要に応じてその他の病原特性の評価を専門検査機関で行う必要がある。

ドイツ連邦リスクアセスメント研究所 (BfR) が STEC についてまとめた Q&A から質問項目のみを以下に紹介する。

- ・ STEC とは何か。
- ・ STEC、ベロ毒素産生性大腸菌 (VTEC : Verotoxin-producing *E. coli*) および EHEC の違いは何か。
- ・ STEC は通常はどこに存在するか。
- ・ STEC 感染の潜伏期間は何日間か。
- ・ ヒトはどのような経路で STEC に感染するか。
- ・ 果物や野菜はなぜ STEC に汚染されるか。
- ・ 発芽野菜は STEC/EHEC の感染源になり得るか。
- ・ 種子が STEC に汚染されていた場合、当該植物からも STEC が検出されることがあるか。
- ・ 自家栽培の野菜はどの程度安全か。
- ・ 食品を介した STEC 感染をどのように防ぐことができるか。
- ・ STEC はどのように死滅させることができるか。
- ・ STEC は加工食品や缶詰食品からも検出されることがあるか。
- ・ STEC は授乳時に母乳を介して乳児に感染することがあるか。
- ・ STEC 感染を防ぐために水の消毒用の錠剤やその他の薬剤を食品の殺菌に使用することは適切であるか。
- ・ ペットも STEC に感染することがあるか。
- ・ 狩猟動物の STEC 感染および狩猟動物由来食肉の STEC 汚染とヒトの STEC 感染との間に関連はあるか。
- ・ ドイツで発生した最大規模の STEC/EHEC 感染アウトブレイクの原因は何か。
- ・ STEC 感染から消費者を守るためにどのような取り組みが行われているか。

(食品安全情報 (微生物) No.4 / 2025 (2025.02.19) BfR 記事参照)

食品微生物情報  
連絡先：安全情報部第二室