

食品安全情報（微生物）No.2 / 2026 (2026.01.21)

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

【米国疾病予防管理センター（US CDC）】

1. 粉末サプリメント「Super Greens」に関する複数州にわたり発生しているサルモネラ (*Salmonella Typhimurium*) 感染アウトブレイク (2026年1月14日付初発情報)

【欧州疾病予防管理センター（ECDC）】

1. One Health に関する欧州連合 (EU) の機関間タスクフォースがワルシャワで年次会議を開催

【Eurosurveillance】

1. ロタウイルス A に関する 14 年間のサーベイランス調査：新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) パンデミック後に DS-1-like 遺伝子型構成を有する equine-like G3P[8] 株の割合が異常に上昇 (2009~2023 年、ベルギー)

【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)

【欧州食品安全機関（EFSA）】

1. 新興リスク分析プラットフォーム (ERAP)

【アイルランド食品安全局（FSAI）】

1. アイルランド食品安全局 (FSAI) が食品安全文化に関するガイダンスノートを発表

【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/>

粉末サプリメント「**Super Greens**」に関連して複数州にわたり発生しているサルモネラ (*Salmonella Typhimurium*) 感染アウトブレイク (2026年1月14日付初発情報)

Salmonella Outbreak Linked to Super Greens Supplement Powders

Jan. 14, 2026

<https://www.cdc.gov/salmonella/outbreaks/supergreenssupplementpowders-1-26/index.html>

<https://www.cdc.gov/salmonella/outbreaks/supergreenssupplementpowders-1-26/investigation.html> (Investigation Update)

<https://www.cdc.gov/salmonella/outbreaks/supergreenssupplementpowders-1-26/locations.html> (Locations)

<https://www.cdc.gov/salmonella/outbreaks/supergreenssupplementpowders-1-26/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 Typhimurium*) 感染アウトブレイクを調査するため様々なデータを収集している。

疫学データは、Live it Up ブランドの粉末サプリメント「**Super Greens**」が *S. Typhimurium* 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。

○ 疫学データ

2026年1月14日時点で、サルモネラアウトブレイク株感染患者が21州から計45人報告されている(図1)。患者の発症日は2025年8月22日～12月30日である(図2)。情報が得られた患者41人のうち12人が入院した。死者は報告されていない。

図 1：サルモネラ (*S. Typhimurium*) 感染アウトブレイクの居住州別患者数（2026 年 1 月 14 日時点の計 45 人）

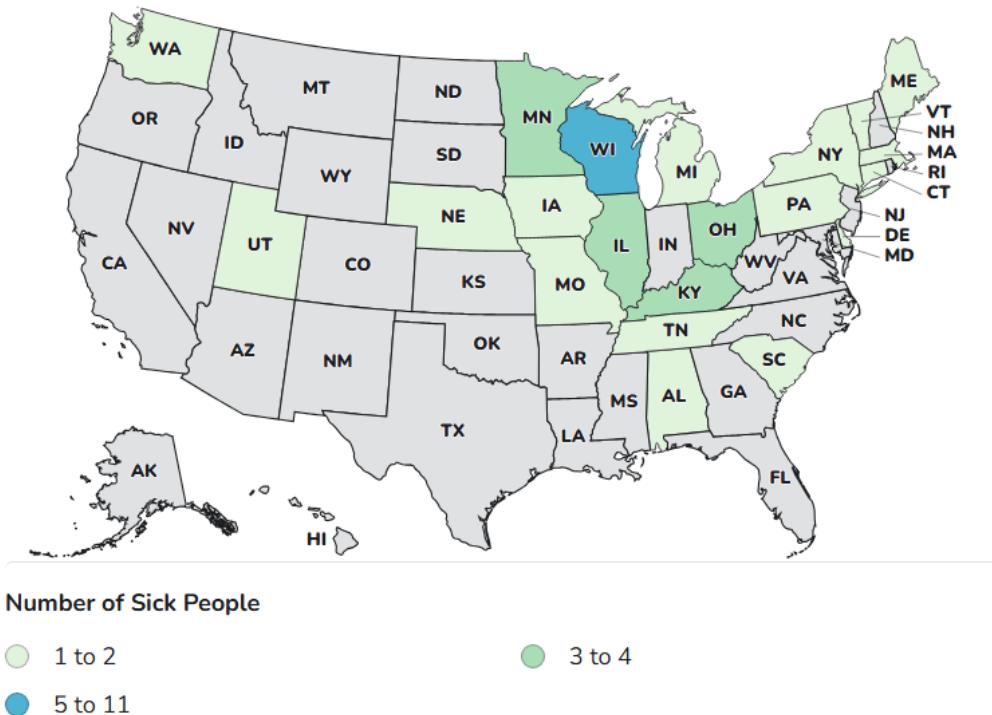
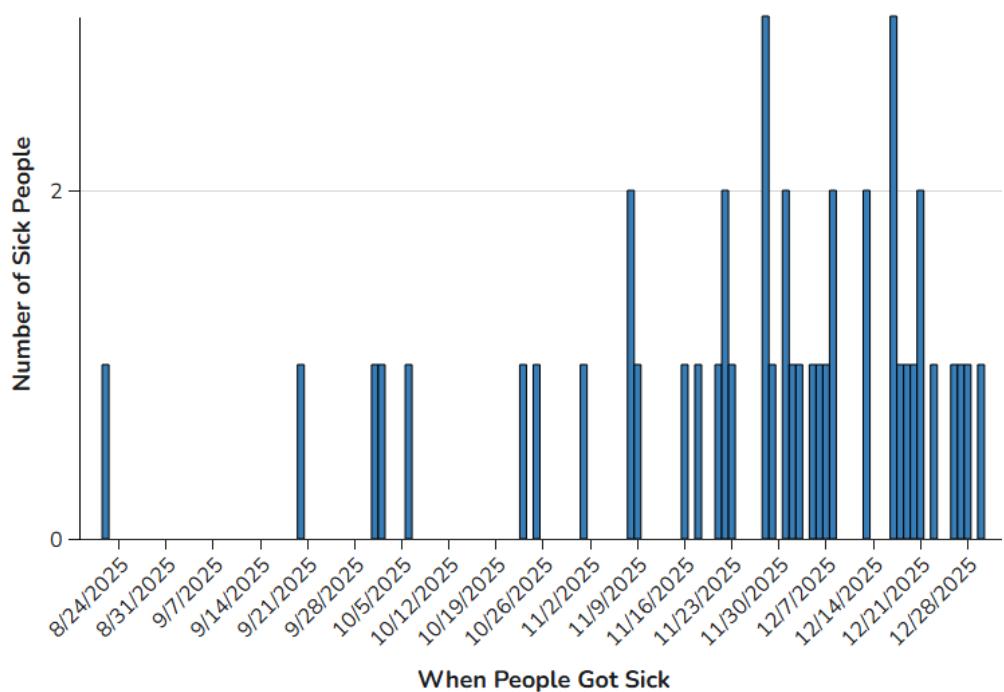


図 2：サルモネラ (*S. Typhimurium*) 感染アウトブレイクの発症日別患者数（2026 年 1 月 14 日時点の計 45 人）



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現時点で得られている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=44)	年齢範囲：16～81 歳 年齢中央値：45 歳
性別 (n=45)	38%：女性 62%：男性
人種 (n=38)	100%：白人
民族 (n=36)	97%：非ヒスパニック系 3%：ヒスパニック系

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 20 人のうち 16 人（80%）が Live it Up ブランドの粉末サプリメント「Super Greens」の喫食を報告した。

○ 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 フィンガープリントинг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ことを示唆している。

WGS 解析の結果、患者 45 人由来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 の全米抗菌剤耐性モニタリングシステム（NARMS）の以下の Web ページから入手可能である。

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

FDA は患者が発症前に喫食した製品について追跡調査を行っており、各州当局と協力して感染源と疑われる製品の検体採取を実施している。

○ 公衆衛生上の措置

2026 年 1 月 14 日、「Super Greens」の製造業者は、当該製品の自主回収を開始する旨を

FDA に通知した。CDC は回収対象製品（以下 Web ページ参照）を喫食・販売・提供しないよう注意喚起している。

<https://www.fda.gov/safety/recalls-market-withdrawals-safety-alerts/superfoods-inc-dba-live-it-recalls-live-it-super-greens-because-possible-health-risk>

- 欧州疾病予防管理センター（ECDC: European Centre for Disease Prevention and Control）

<https://www.ecdc.europa.eu/en>

One Health に関する欧州連合（EU）の機関間タスクフォースがワルシャワで年次会議を開催

EU Cross-agency One Health Task Force holds annual meeting in Warsaw
19 Nov 2025

<https://www.ecdc.europa.eu/en/news-events/eu-cross-agency-one-health-task-force-holds-annual-meeting-warsaw>

2025 年 11 月 17～18 日、One Health に関する欧州連合（EU）の機関間タスクフォースがワルシャワで年次会議を開催した。

本タスクフォースは、5 つの EU 機関（欧州疾病予防管理センター（ECDC）、欧州化学品庁（ECHA）、欧州環境庁（EEA）、欧州食品安全機関（EFSA）、欧州医薬品庁（EMA））が参加しており、欧州委員会健康・食品安全総局（EC DG-SANTE）と緊密に連携している。今年の会議は欧州国境沿岸警備庁（Frontex）が主催した。

参加者は 2 日間にわたって、「Cross-agency One Health task force framework for action (2024-2026)」（以下 Web ページ参照）の進捗状況を確認し、2026 年に予定されている合同の One Health イニシアチブやそれ以降の活動について議論を重ねた。専門のワークショップでは、機関全体の One Health 活動を対応付ける方法を検証し、今後の連携を見据えた分野横断的テーマを特定することに焦点が当てられた。

<https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/cross-agency-one-health.pdf>

この会議では、本活動の重要な成果物である「One Health に関する機関間の連携を目的とした構造的取り決めの統合に関する提言」の作成についても作業が開始された。この作業は、2 年間にわたるタスクフォースの活動を振り返り、得られた教訓を共有し、One Health アプローチのもとで EU 機関間の今後の連携を強化するための提言をまとめる機会となつた。

● Eurosveillance

<https://www.eurosurveillance.org>

ロタウイルス A に関する 14 年間のサーベイランス調査：新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) パンデミック後に DS-1-like 遺伝子型構成を有する equine-like G3P[8]株の割合が異常に上昇 (2009～2023 年、ベルギー)

14 years of rotavirus A surveillance: unusual dominance of equine-like G3P[8] genotype with DS-1-like genotype constellation after the pandemic, Belgium, 2009 to 2023

Eurosurveillance, Volume 30, Issue 12, 27/Mar/2025

<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11951416/pdf/eurosurv-30-12-3.pdf> (論文 PDF)

<https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2025.30.12.2400442>

要旨

背景：ロタウイルスは、ワクチン接種が実施されているにも関わらず、依然として 5 歳未満の幼児における胃腸炎の主要な原因である。

目的：新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) パンデミックの期間も含む 2009～2023 年のベルギーにおけるロタウイルスの疫学的な経時変化を評価することを目的とした。

方法：ベルギー全域から 8,024 のロタウイルス陽性便検体を収集した。このうち 6,352 検体について、外殻タンパク質 VP7 および VP4 をコードする遺伝子のシークエンシング解析により、遺伝子型 (G 型／P 型) を同定した。

結果：COVID-19 パンデミック以前は、ロタウイルス疫学年 (8 月 1 日～翌年 7 月 31 日と定義) で平均 622 検体／疫学年を受領していたが、パンデミック期間中の 2 つの疫学年ではそれぞれ 114 検体および 111 検体に減少した。パンデミック後の最初の年には過去最大数の 1,048 検体を記録した。特に、「2～5 歳」の年齢層における患者の割合は、パンデミック前の 20.3% からパンデミック後は 33% に上昇した ($p < 0.001$)。14 年間の研究期間を通じて特に割合が高かった遺伝子型は G2P[4]、G3P[8] および G9P[8] であった。パンデミック後のデータでは、2021～2023 年にかけて、DS-1-like 遺伝子型構成を有する equine-like G3P[8] 株 【編者注：VP7 遺伝子のみがウマロタウイルスと近い配列を持つ G3 型に組み換わったもの】の割合が異常に上昇していた。また、equine-like G3P[8] 株のロタウイルスに感染した患者では、典型的なヒト型 VP7 の G3P[8] 株など他の遺伝子型の株に感染した患

者と比較して、ワクチン接種済の患者が有意に多かった。

結論：各ウイルス株によって特有の経時的な割合の変動が認められたが、いくつかの疫学的变化は COVID-19 パンデミックに関連したものであった。この变化には、現行のワクチンが効果を発揮しにくい可能性がある新興ロタウイルス株の割合の異常な上昇などがあった。この現象が一時的なものかどうかを判断するためには、当該株の注意深いモニタリングが不可欠である。

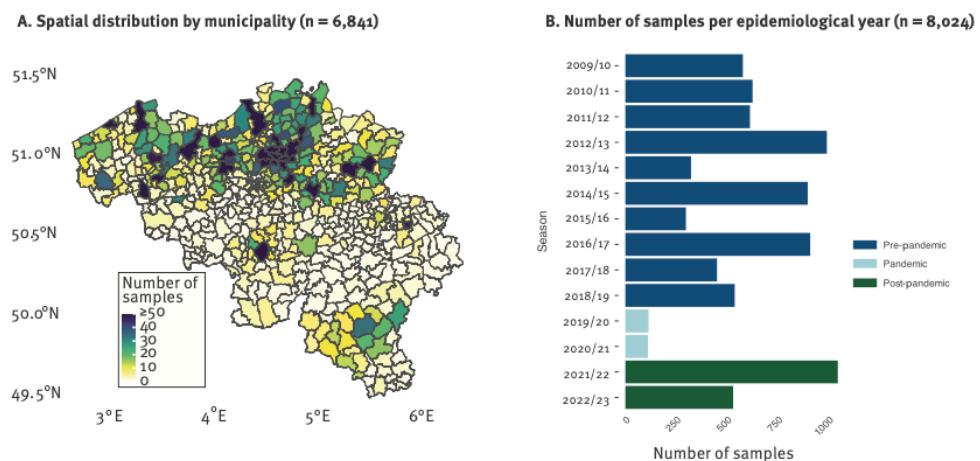
結果

2009 年 7 月～2023 年 8 月の 14 年間にわたり採取された 8,024 の便検体を収集した。国立リファレンスセンター（NRC : National Reference Center）は、フランダース（ベルギー北部、ベルギー人口の約 58%が在住）から 5,844 検体（全検体の 72.8%）、ワロン地域（ベルギー南部、人口の約 31%が在住）から 877 検体（10.9%）、およびブリュッセル首都圏地域から 120 検体（1.5%）を収集した（図 1A）。郵便番号情報が欠落した検体は 1,183 検体（14.7%）であった。パンデミック前には、平均 622 検体／疫学年（範囲 : 298～991 検体）が収集されていたが、パンデミック期間中の 2 つの疫学年（2019/20 および 2020/21）では、それぞれ 114 検体および 111 検体に減少した。しかし、パンデミック後最初の 2021/22 疫学年には過去最大数の 1,045 検体が収集された（図 1B）。翌年の 2022/23 疫学年は 530 検体であり、パンデミック前の水準に戻った。解析された 8,024 検体のうち、患者のワクチン接種状況を把握できたのは 63.7%（5,111 検体）であった。このうち 64.6%（3,300／5,111 検体）がロタリックス（Rotarix）接種患者、6.3%（322／5,111 検体）がロタテック（RotaTeq）接種患者、および 29.2%（1,493／5,111 検体）がワクチン未接種患者からの便検体であった。4 人の乳幼児はロタテックおよびロタリックスの両方のワクチン接種を受けていたことが報告されており、これらの乳幼児はロタテックとロタリックス両方の接種数に計上された。

図 1：国立リファレンスセンター（NRC）が受領したロタウイルス陽性検体数（2009/10～2022/23 痘学年、ベルギー）

FIGURE 1

Rotavirus-positive samples, the National Reference Center, Belgium, 2009/10–2022/23



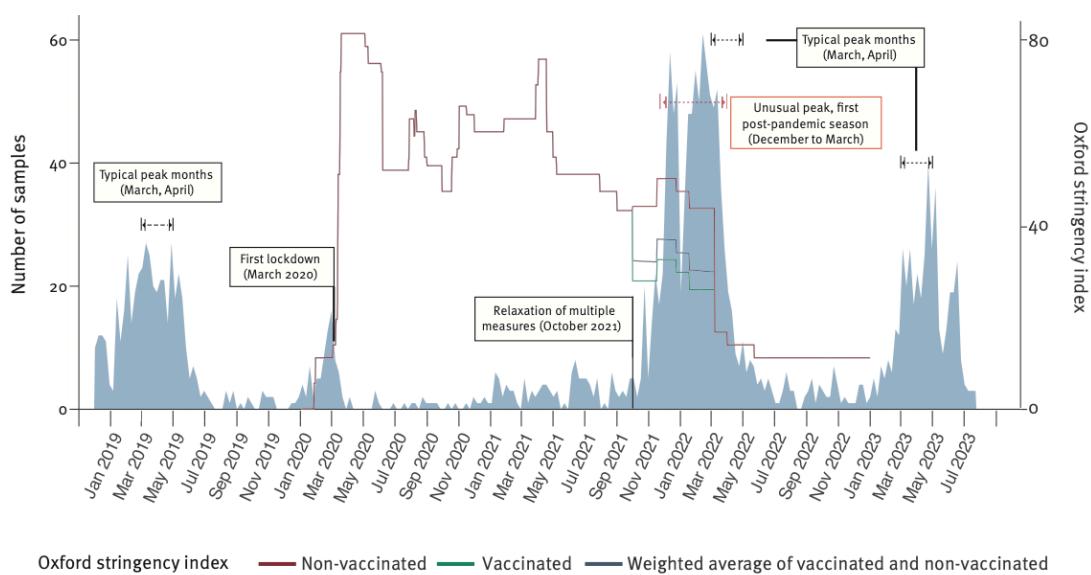
- ロタウイルスの流行はパンデミック中に季節性が乱れた後、大きなピークが発生

COVID-19 パンデミック以前は、各疫学年におけるロタウイルスの流行ピークは 3 月もしくは 4 月であり、年間患者数の 20～40%を占めていた。しかしながら、パンデミック期間中に、この季節性のパターンは消失し、Oxford Stringency Index で示される通り、受領したロタウイルス陽性検体数はロックダウン措置の厳格さと逆相関関係を示した（図 2）。

図 2：国立リファレンスセンター（NRC）が受領した週別のロタウイルス陽性検体数（n=2,215、2018年12月～2023年7月、ベルギー）

FIGURE 2

Weekly positive rotavirus samples received by the National Reference Center, Belgium, December 2018–July 2023 (n = 2,215)



2021年10月、ベルギーでは多くのパンデミック対策が同時に解除され、学校は人数制限無しで再開された。その後、2021年12月からロタウイルス患者数の早期のピークが現れ、そこから長期にわたるピークが観察された。興味深いことに、パンデミック後2回目のロタウイルス疫学年（2022/23）は、パンデミック前と同様に流行ピークが3月および4月に現れ、ピーク期間が6月まで続いていた。

○ パンデミック後にロタウイルス患者における「2～5歳」の年齢層の割合が上昇

ロタウイルス疫学年14年間において、患者の平均70.1%（範囲：54.3～80.7%）が「0～2歳」の乳幼児であった（図3A）。次いで「2～5歳」の幼児が平均20.3%（範囲：12.0～33.2%【編者注：図3Aでは12.16～33.72%】）を占めた。「5～18歳」と「60歳以上」の患者はそれわずか平均4.8%（範囲：3.6～7.2%）および平均3.7%（範囲：0.33～22.3%【編者注：図3Aでは22.52%】）であった。「60歳以上」の患者では、2016/17疫学年および2017/18疫学年が統計的に有意な外れ値であり、それぞれ患者の8.4%および22.3%【編者注：図3Aでは8.49%および22.52%】を占めていた（図3Aおよび3B）。さらなる調査により、「60歳以上」の年齢層の検体のほぼ全てが同一の病院からNRCに送付されたものであり、メヘレン近郊の老人ホーム由来であることが判明した。その他に観察された点とし

では、COVID-19 パンデミック期間（2019/20 および 2020/21 痘学年）において、患者の年齢分布が過去数年間と同様であったことが挙げられる。しかし、COVID-19 対策が緩和された後の 2021/22 痘学年において、「2~5 歳」の幼児患者数は、それ以前の 12 痘学年の平均と比較して有意に多かった ($p<0.001$ 、図 3C)。

図 3：年齢層別および痘学年別のロタウイルス陽性検体 (n=7,439、2009/10~2022/23 痘学年、ベルギー)

FIGURE 3

Rotavirus-positive samples by age group and rotavirus epidemiological year, Belgium, 2009/10–2022/23 (n = 7,439)



Tests: z-test for proportions, adjusted with Bonferroni correction (***, $p<0.001$). Samples without age information (no collection date or birth date) were excluded from the figures above.

(割合はボンフェロー法で調整し Z 検定を行った (***, $p<0.001$)。年齢情報（検体採取

日や生年月日) が得られなかったデータは除外した。)

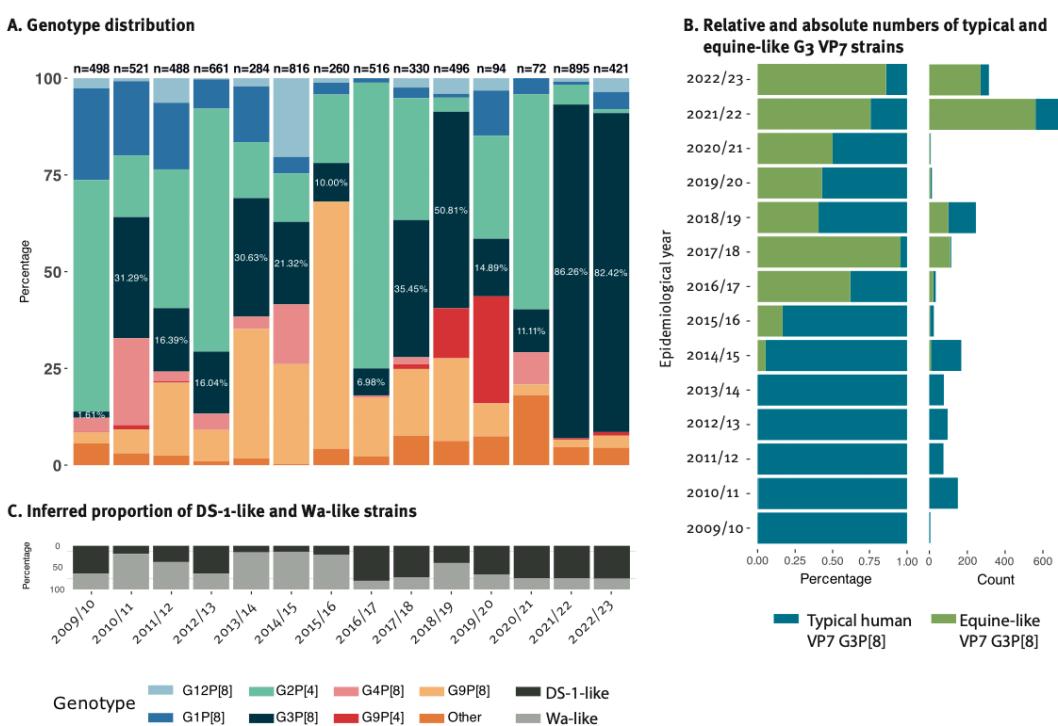
○ 2009～2023 年に特に多かった遺伝子型は G3P[8]、G2P[4]および G9P[8]

全 8,024 検体のうち 6,352 検体 (79.2%) において、VP7 もしくは VP4 の遺伝子型判別が成功した。14 年間で特に多かった 4 つの遺伝子型は、G3P[8] (n=2,190, 34.5%)、G2P[4] (n=1,778, 28.0%)、G9P[8] (n=944, 14.9%) および G1P[8] (n=496, 7.8%) であった。G1P[8]株は 2009～2014 年にかけて患者の 7.5～23.6%を占めていたが、2015 年以降の 9 疫学年 (2015～2023 年) のうち 8 疫学年における割合は 5%を下回っていた (図 4A)。大きな変動があったにもかかわらず、G2P[4]株は 2009～2021 年にかけて最も多かった株であった。G9P[8]株の割合は 2009 年から着実に上昇し続け、2015/16 年にピークの最高値 (63.8%) に達した後、再び徐々に低下した。2018～2020 年にかけて G9P[4]株の一時的な著増が確認された。

図 4 : 疫学年別のロタウイルス株別割合 (n=6,352、2009/10～2022/23 疫学年、ベルギー)

FIGURE 4

Rotavirus genotypes by rotavirus epidemiological year, Belgium, 2009/10–2022/23 (n = 6,352)



For 'Other' genotypes no assumption of the genotype constellations were attempted, and therefore they were excluded from Panel C.

「その他 (other)」の株については遺伝子型の推定は行なっていないため、図 4C のデータからは除外されている。)

○ COVID-19 パンデミック後のベルギーで優勢の equine-like G3 株

2009～2021 年の期間、受領した陽性検体に占める G3P[8]株の割合は、2018/19 疫学年には 50%を超える割合に達したこともあったが、大きな変動を示していた。しかしながら、パンデミック後の 2 つの疫学年では、受領した陽性検体のそれぞれ 86.3%および 82.4%を占め完全に優勢となった（図 4A）。このような 2 年連続での単一株の優勢は、ベルギーではそれまで観察されたことがなかった。近年、G3P[8]遺伝子型の株は Wa-like 遺伝子型構成（典型的なヒト G3 を持つ）または DS-1-like 遺伝子型構成（ウマロタウイルスと近い配列の G3 を持ち equine-like G3 と呼ばれることが多い）のいずれかで循環することが知られている。さらに、受領した全ての G3P[8]株について VP7 配列を解析した結果、2014 年以降、典型的なヒト G3 株に対して equine-like G3 株の割合が着実に上昇していることが明らかになった（図 4B）。患者数としては、これらの equine-like G3P[8]株によって、2021/22 および 2022/23 の各疫学年においてそれぞれ 561 人および 271 人の患者が発生した。2021/22 疫学年は、本研究期間全体を通じて、単一株による患者が最も多く報告された。

○ Wa-like 株に対する DS-1-like 株の割合の上昇

DS-1-like 遺伝子型構成を持つと推定される G3P[8]株の割合の上昇を受け、様々なロタウイルス G/P 遺伝子型の組み合わせに関連する最も可能性の高い遺伝子型構成について文献調査を行った。この調査により、G1P[8]、典型的なヒト G3P[8]、G4P[8]、G9P[8]および G12P[8]株は通常 Wa-like 遺伝子型構成となっており、一方、G2P[4]、equine-like G3P[8]および G9P[4]株は通常 DS-1-like 遺伝子型構成となっていることが示された。この情報を 14 年間の研究期間における株別割合のデータと組み合わせると、サーベイランス開始後最初の 7 疫学年（2009～2016 年）のうち 5 疫学年は Wa-like 株が優勢であったのに対し、本研究期間の後半の 7 疫学年（2016～2023 年）のうち 6 疫学年は DS-1-like 株が優勢であったことが確認された（図 4C）。遺伝子型構成の仮説をさらに確認するため、G9P[4]株および G3P[8]株について本研究期間全体で得られた計 35 検体のほぼ完全なゲノム配列を決定した。予想通り、全 13 の equine-like G3P[8]株は DS-1-like 遺伝子型構成であり、全 17 の典型的なヒト G3P[8]株は Wa-like 遺伝子型構成であった（図 5A）。一方、2011 年の G9P[4]株は DS-1-like 遺伝子型構成の中に遺伝子再集合（リアソートメント）による NSP4 遺伝子（E6 型）を有していたが（図 5A の#4）、より最近同定された 4 つの G9P[4]株は DS-1-like 遺伝子型構成の中に遺伝子再集合による Wa-like の NSP2 遺伝子を有していた（図 5A の#20, 24, 31, 33）。さらに系統解析を行ったところ、パンデミック後の equine-like G3P[8] 株の VP3 遺伝子断片は、2019 年以降に検出された G9P[4]株とクラスターを形成し、パンデミック前の equine-like G3P[8] 株の VP3 と比較して 10% の遺伝的相違を示した（図 5B）。

図 5：疫学年別のロタウイルス G9P[4]株および G3P[8]株の遺伝子型構成、および VP3 の塩基配列にもとづく系統樹解析（n=35、2009/10～2022/23 疫学年、ベルギー）

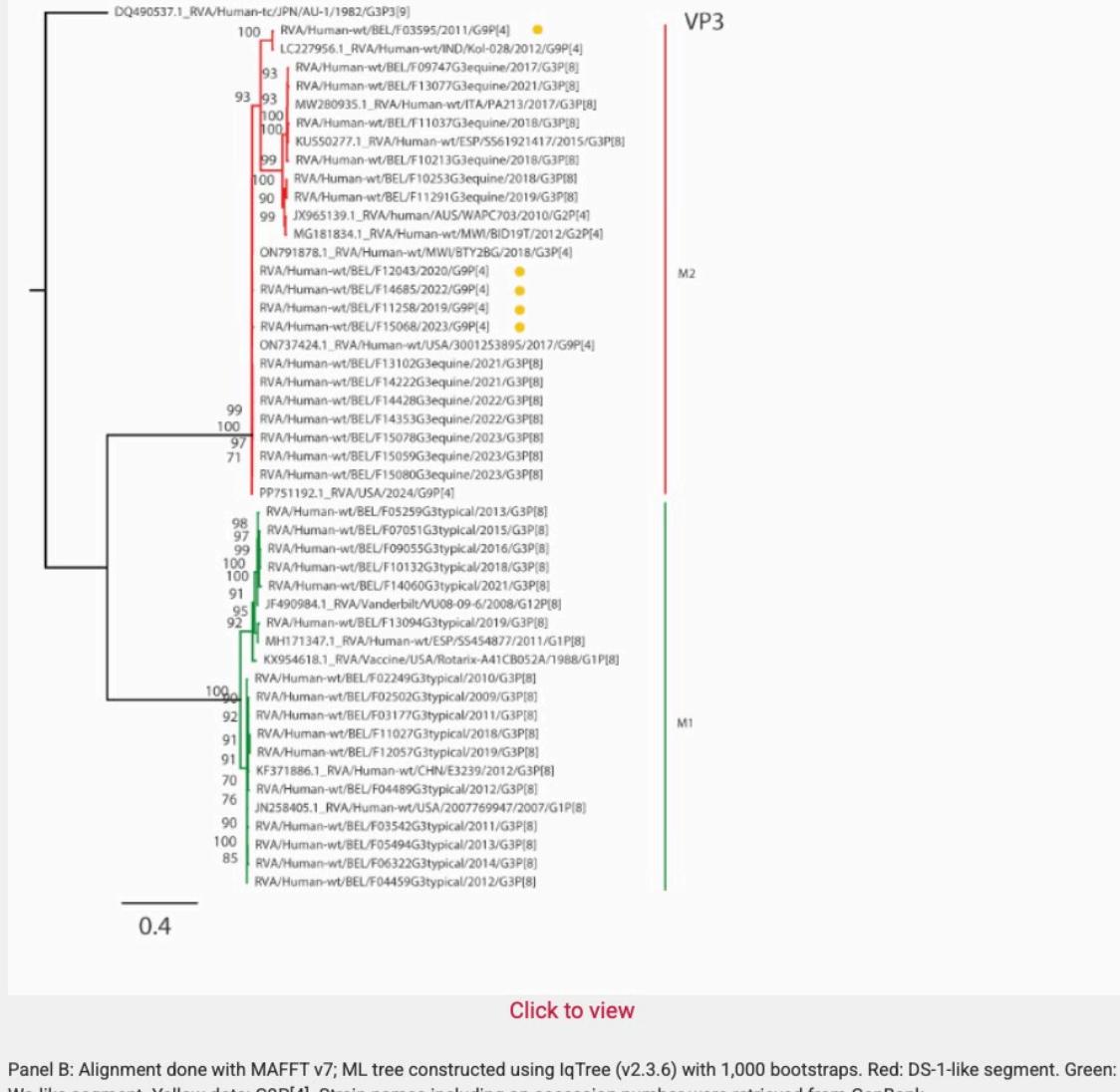
Figure 5. Rotavirus genotype constellations by rotavirus epidemiological year and VP3 phylogeny, Belgium, 2009/10–2022/23 (n = 35)

A. Genotype constellations of selected G3P[8] and G9P[4] strains

	Epidemiological year	Strain name	G3 type	Genotype	VP1	VP2	VP3	VP6	NSP1	NSP2	NSP3	NSP4	NSP5
1	2009/10	RVA/Human-wt/BEL/F_025 02G3typical/2009/G3P[8]	Typical human G3	G3P[8]									
2	2009/10	RVA/Human-wt/BEL/F_022 49G3typical/2010/G3P[8]	Typical human G3	G3P[8]									
3	2010/11	RVA/Human-wt/BEL/F_031 77G3typical/2011/G3P[8]	Typical human G3	G3P[8]									
4	2010/11	RVA/Human-wt/BEL/F_035 95/2011/G9P[4]	-	G9P[4]									
5	2010/11	RVA/Human-wt/BEL/F_035 42G3typical/2011/G3P[8]	Typical human G3	G3P[8]									
6	2011/12	RVA/Human-wt/BEL/F_044 59G3typical/2012/G3P[8]	Typical human G3	G3P[8]									
7	2011/12	RVA/Human-wt/BEL/F_044 89G3typical/2012/G3P[8]	Typical human G3	G3P[8]									
8	2012/13	RVA/Human-wt/BEL/F_052 59G3typical/2013/G3P[8]	Typical human G3	G3P[8]									
9	2012/13	RVA/Human-wt/BEL/F_054 94G3typical/2013/G3P[8]	Typical human G3	G3P[8]									
10	2013/14	RVA/Human-wt/BEL/F_063 22G3typical/2014/G3P[8]	Typical human G3	G3P[8]									
11	2013/14	RVA/Human-wt/BEL/F_062 87G3typical/2014/G3P[8]	Typical human G3	G3P[8]									
12	2014/15	RVA/Human-wt/BEL/F_070 51G3typical/2015/G3P[8]	Typical human G3	G3P[8]									
13	2016/17	RVA/Human-wt/BEL/F_090 55G3typical/2016/G3P[8]	Typical human G3	G3P[8]									
14	2016/17	RVA/Human-wt/BEL/F_097 47G3equine/2017/G3P[8]	Equine-like G3	G3P[8]									
15	2017/18	RVA/Human-wt/BEL/F_101 32G3typical/2018/G3P[8]	Typical human G3	G3P[8]									
16	2017/18	RVA/Human-wt/BEL/F_102 13G3equine/2018/G3P[8]	Equine-like G3										
17	2017/18	RVA/Human-wt/BEL/F_102 53G3equine/2018/G3P[8]	Equine-like G3	G3P[8]									
18	2018/19	RVA/Human-wt/BEL/F_110 27G3typical/2018/G3P[8]	Typical human G3	G3P[8]									
19	2018/19	RVA/Human-wt/BEL/F_110 37G3equine/2018/G3P[8]	Equine-like G3	G3P[8]									
20	2018/19	RVA/Human-wt/BEL/F_112 58/2019/G9P[4]	-	G9P[4]									
21	2018/19	RVA/Human-wt/BEL/F_112 91G3equine/2019/G3P[8]	Equine-like G3	G3P[8]									
22	2019/20	RVA/Human-wt/BEL/F_120 57G3typical/2019/G3P[8]	Typical human G3	G3P[8]									
23	2019/20	RVA/Human-wt/BEL/F_130 94G3typical/2019/G3P[8]	Typical human G3	G3P[8]									
24	2019/20	RVA/Human-wt/BEL/F_120 43/2020/G9P[4]	-	G9P[4]									
25	2020/21	RVA/Human-wt/BEL/F_130 77G3equine/2021/G3P[8]	Equine-like G3	G3P[8]									
26	2020/21	RVA/Human-wt/BEL/F_131 02G3equine/2021/G3P[8]	Equine-like G3	G3P[8]									
27	2021/22	RVA/Human-wt/BEL/F_140 60G3typical/2021/G3P[8]	Typical human G3	G3P[8]									
28	2021/22	RVA/Human-wt/BEL/F_142 22G3equine/2021/G3P[8]	Equine-like G3	G3P[8]									
29	2021/22	RVA/Human-wt/BEL/F_143 53G3equine/2022/G3P[8]	Equine-like G3	G3P[8]									
30	2021/22	RVA/Human-wt/BEL/F_144 28G3equine/2022/G3P[8]	Equine-like G3	G3P[8]									
31	2021/22	RVA/Human-wt/BEL/F_146 85/2022/G9P[4]	-	G9P[4]									
32	2022/23	RVA/Human-wt/BEL/F_150 59G3equine/2023/G3P[8]	Equine-like G3	G3P[8]									
33	2022/23	RVA/Human-wt/BEL/F_150 68/2023/G9P[4]	-	G9P[4]									
34	2022/23	RVA/Human-wt/BEL/F_150 78G3equine/2023/G3P[8]	Equine-like G3	G3P[8]									
35	2022/23	RVA/Human-wt/BEL/F_150 80G3equine/2023/G3P[8]	Equine-like G3	G3P[8]									

WA Wa-like genotype 1
 DS-1 DS-1-like genotype 2
 DS-1 DS-1-like VP3 genotype cluster, >10% divergent from other DS-1-like VP3 strains in this study
 E6 Genotype E6

B. Phylogenetic tree of VP3 coding sequence



Panel B: Alignment done with MAFFT v7; ML tree constructed using IQTree (v2.3.6) with 1,000 bootstraps. Red: DS-1-like segment. Green: Wa-like segment. Yellow dots: G9P[4]. Strain names including an accession number were retrieved from GenBank.

(B: アラインメントはMAFFT(ver.7)で実施した。最尤法による系統樹はIQ-TREE(v2.3.6)で1,000回のブートストラップを行い作成した。赤色: DS-1-like配列、緑色: Wa-like配列、黄色の丸印: G9P[4]。アクセション番号を含む株名はGenBankから取得した。)

○ ワクチン接種乳幼児において割合が有意に高い equine-like G3P[8]株

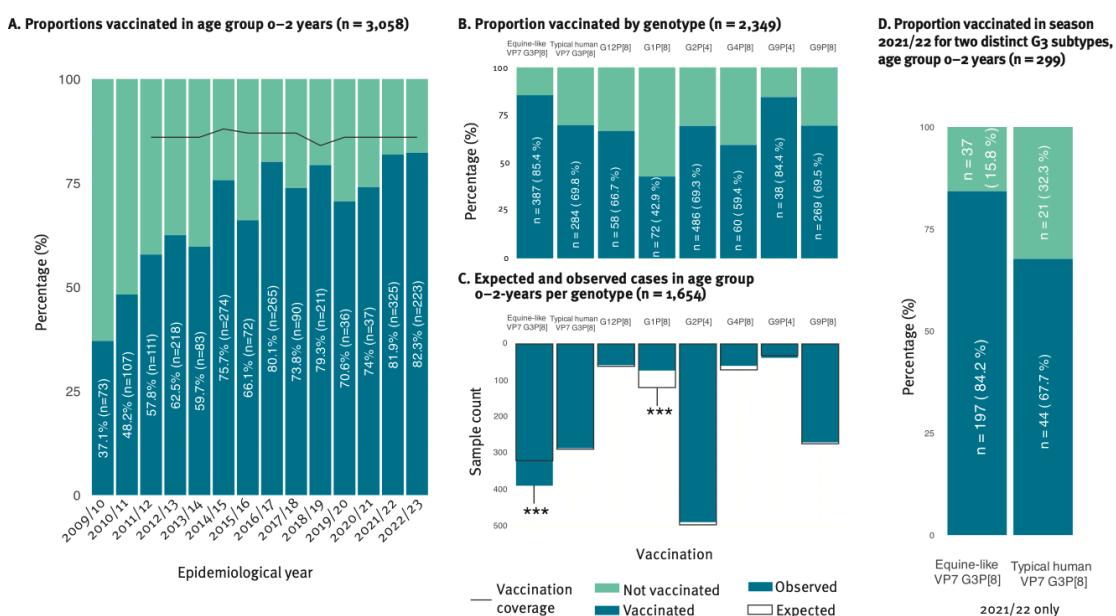
14年間にわたるロタウイルスに関するNRCの活動において、ロタリックスワクチン接種を少なくとも1回受けた「0~2歳」の乳幼児の割合が着実に上昇していたことが確認された(図6A)。一方、2011~2022年にかけての全体の推定ワクチン接種率は安定していた。各ロタウイルス株(ヒト型G3とequine-like G3のG3P[8]株は分けて解析)におけるワクチン接種乳幼児と未接種乳幼児の割合を比較した(図6B)。さらに、ワクチン接種乳幼児の割合が各株で均等(ワクチンの予防効果が全ての株に対して同等であるとすれば)であると

仮定した場合の期待値と比較した。G1P[8]株がロタリックスワクチン株と同型であることから予想された通り、G1P[8]株の感染乳幼児ではワクチン接種群の検体数が期待値と比較して有意に少なかった ($p<0.001$ 、期待値 : 118、検体数 : 72) (図 6C)。意外なことに、equine-like G3 株に感染した乳幼児では逆の傾向が観察され、ワクチン接種乳幼児の検体数が期待値と比較して多かった ($p<0.001$ 、期待値 : 318、検体数 : 387) (図 6C)。この結果が COVID-19 パンデミックまたはパンデミック後の G3P[8]優勢の影響によるものかどうかを検証するため、2021/22 痘学年のみを対象に同様の解析を実施したところ、同様の現象が確認された。equine-like G3P[8]株が同定された検体の 84.2% (197/234)、また典型的なヒト G3P[8]株が同定された検体の 67.7% (44/65) がワクチン接種済みの乳幼児由来であった (図 6D)。各年齢層における equine-like G3P[8]株および典型的なヒト G3P[8]株の割合に差異は認められなかった (補足図 S6)。

図 6 : 「0~2 歳」 の乳幼児におけるワクチン接種者割合、および遺伝子型別におけるワクチン接種者割合 (2009/10~2022/23 瘡学年)

FIGURE 6

Proportions of vaccinated infants (0–2 years) over the years and for different genotypes 2009/10–2022/23

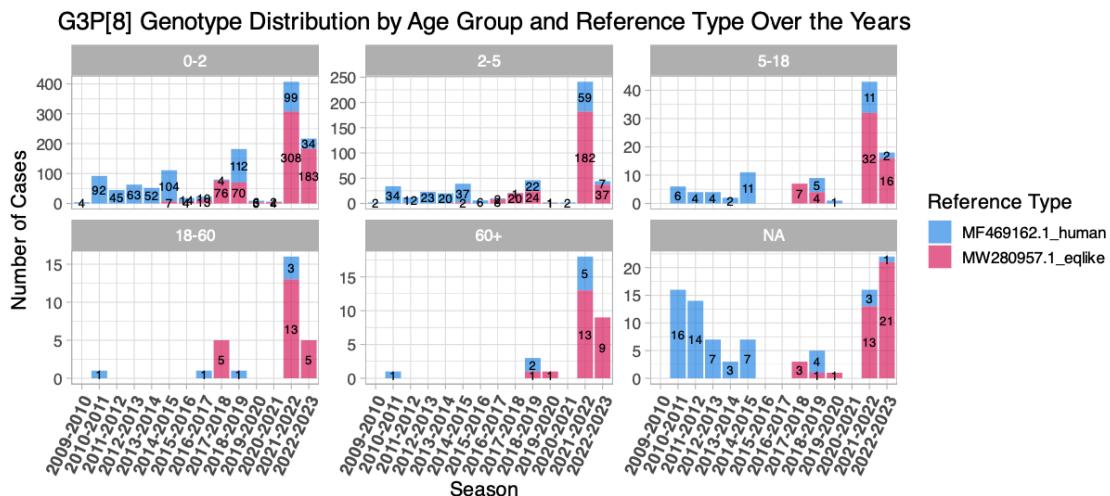


Panel A: Vaccination coverage was retrieved from World Health Organization data [48], immunisation coverage estimates by country (2022). Panel C: We assumed that the vaccines protected equally well against all genotypes. Test: Z-test for proportions, adjusted using Bonferroni correction (**, $p<0.001$).

(A : ワクチン接種率は世界保健機関 (WHO) のデータ「国別ワクチン接種率推定値 (2022 年)」から取得した。C : ワクチンは全ての株に対し同等の予防効果を持つと仮定した。検定 : 割合はボンフェローニ法で調整し Z 検定を行った (** 【編者注 : 図 6C では***】、 $p<0.001$)。)

補足図 S6 : equine-like G3P[8]株および典型的なヒト G3P[8]株の年齢層別・疫学年別の受領検体数（2009/10～2022/23 疫学年、ベルギー）

Supplementary information S6



Supplementary information S6. Equine-like and typical human G3P[8] numbers over the years in different age groups.

(青色：典型的なヒト G3P[8]株、赤色：equine-like G3P[8]株)

- 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

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

RASFF Portal Database

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

Notifications list

<https://webgate.ec.europa.eu/rasffwindow/screen/list>

2025年12月23日～2026年1月13日の主な通知内容

警報通知（Alert Notification）

ブルキナファソ産ゴマペーストのサルモネラ、加熱済みハムと七面鳥むね肉のリストリア (*L. monocytogenes*)、スロバキア産羊乳チーズのリストリア (*L. monocytogenes*)、フランス産二枚貝の大腸菌、フランス産食肉製品のサルモネラなど。

注意喚起情報（Information Notification for Attention）

アイルランド産スモークサーモンのリストリア (*L. monocytogenes*)、イタリア産（スペイン産原材料使用）イガイのサルモネラ (*S. Strathcona*)、ポーランド産の生鮮ブロイラー脚肉のサルモネラ (*S. Infantis*)、ドイツ産豚首肉（皮・骨なし）のサルモネラ、インド産植物性代替肉のセレウス菌とサルモネラ、ルーマニア産鶏手羽肉（骨・皮付き）のサルモネラ属菌、ルーマニア産鶏むね肉のサルモネラ (*S. Enteritidis*)、ベルギー産食肉製品のリストリア (*L. monocytogenes*)、ドイツ産ポークミール（動物副産物）のサルモネラ属菌、オランダ産牛肉ソーセージのリストリア (*L. monocytogenes*) など。

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

ポーランド産冷凍鶏肉のサルモネラ (*S. Newport*)、スペイン産冷凍メルルーサの寄生虫、英国産魚粉の腸内細菌科菌群、ベルギー産ヒマワリ種子ミールのサルモネラ (*S. Agona*)、アルゼンチン産牛肉の志賀毒素産生性大腸菌（ONT:H34）、ポーランド産冷凍鶏骨付きもも肉のサルモネラ属菌、スペイン産メルルーサの線虫類 (nematode)、ポーランド産（エストニア経由）冷凍牛肉のサルモネラなど。

通関拒否通知（Border Rejection Notification）

ロシア産飼料用酵母のサルモネラ (*S. Agona*、*S. Isangi*)、インド産 betel leaf (キンマの葉) のサルモネラなど。

-
- 欧州食品安全機関（EFSA: European Food Safety Authority）

<https://www.efsa.europa.eu/en>

新興リスク分析プラットフォーム（ERAP）

Emerging Risk Analysis Platform (ERAP)

Published: 2 July 2025

<https://efsa.onlinelibrary.wiley.com/doi/pdf/10.2903/sp.efsa.2025.EN-9557> (報告書 PDF)

<https://www.efsa.europa.eu/en/supporting/pub/en-9557>

要旨

この外部科学報告書は、科学分野の受託業者が「新興リスク分析プラットフォーム（ERAP : Emerging Risk Analysis Platform）」プロジェクトにおいて実施した活動を記録したものである。本報告書は、プラットフォームの開発、試験、展開およびユーザーサポートについて統合的・完結的に概説し、ユーザーからのフィードバック、プロジェクトの各フェーズにおいて得られた教訓など、本プロジェクトの実施期間全体を通して収集された知見を総括している。また、人工知能（AI）関連機能など、改善の余地のある分野に関する概略および今後の強化に向けた提言を行っている。したがって本報告書は、ERAP プロジェクトの進捗状況に関する包括的な概略を示すものであり、欧州食品安全機関（EFSA）のニーズに合致したプラットフォームの今後の進展の基礎となる。

報告書概要

本報告書は、EFSA との委託契約にもとづき科学分野の受託業者が実施した活動に焦点を当て、ERAP プロジェクトの結果を提示する。本報告書は ERAP プロジェクトのライフサイクル全体を概説しており、本プロジェクトには以下のフェーズが含まれている。

- フェーズ 1：業務要件の分析
ワークショップ、インタビューおよび調査の実施により、業務要件の収集および優先順位付けを支援し、開発に向けた体系的な青写真の作成につなげる。
- フェーズ 2：プラットフォーム開発の促進およびプロダクションサポート
技術の実装を支援し、試験の推進およびユーザーニーズとの整合性確保を行う。
- フェーズ 3：プラットフォームの完成
プラットフォームの稼働後は、ERAP ユーザーにガイダンスおよびサポートを提供し、ユーザーからのフィードバックを収集するとともに、今後のプラットフォーム進展のための提言を行う。また、研修用教材およびユーザーガイドを更新する。

本報告書は、ユーザーからのフィードバックや繰り返し発生する課題など、本プロジェクトの全フェーズを通して収集された知見をまとめている。また、AI を活用した機能、ユーザー管理プロセスの強化、インターフェースの改良など、改善の余地がある分野について概説している。

本報告書は、完結型の文書として、科学分野の受託業者が ERAP 開発において果たす役割について包括的な参考情報を提供し、プラットフォームの今後の進展の指針となる提言を示している。

● アイルランド食品安全局（FSAI: Food Safety Authority of Ireland）

<https://www.fsai.ie/>

アイルランド食品安全局（FSAI）が食品安全文化に関するガイダンスノートを発表

FSAI publishes Guidance Note on Food Safety Culture

09 OCTOBER 2025

<https://www.fsai.ie/news-and-alerts/latest-news/fsai-publishes-guidance-note-on-food-safety-culture>

アイルランド食品安全局（FSAI）は2025年10月9日、食品事業者が事業を行う上で適切な「食品安全文化（Food Safety Culture）」を確立・維持するという法的要件を満たすための支援を行うことを目的として、新たな「食品安全文化に関するガイダンスノート（Guidance Note on Food Safety Culture）」（以下Webページ参照）を発表した。この新たな資料は、食品事業者が食品安全を日常業務に浸透させることを支援し、検査官が監視指導を行う際に食品安全文化を評価するための枠組みを提供する。

<https://www.fsai.ie/publications/guidance-note-44-food-safety-culture>

安全な食品を提供するためには、関係者全員の行動および意識が食品安全慣行と一致しなければならない。食品安全文化という概念は、管理者および従業員を含む全員が業務において一貫してどのように考えて行動するかを包括するものである。この概念は、あらゆる工程・役割における食品安全への取り組みを反映する。本ガイダンスノートには自己評価チェックリストや質問票といった実践的なツールが含まれており、食品事業者が自身の食品安全文化を評価し、監査に備えるために役立つ。

意識を向上し安全な食品管理行動をとることで適切な食品安全文化が確立され、以下の項目を実現することが可能となる。

- ・ 高い食品安全基準・衛生基準の維持、および規制遵守の維持
- ・ 食品由来疾患から消費者を守るための支援
- ・ 全ての従業員間の透明性の向上およびコミュニケーションの改善
- ・ 安全でない食品に起因する問題の発生防止

FSAI のラーニングポータル（以下 Web ページ参照）では食品事業者を支援するため、本ガイダンスノートと併用可能な食品安全文化に関する研修モジュールも用意されている。
<https://learningportal.fsai.ie>

（食品安全情報（微生物）No.2 / 2022（2022.01.19）、No.25 / 2020（2020.12.09）FSAI 記事参照）

食品微生物情報
連絡先：安全情報部第二室