

**Cirkulation av ESBL-producerande
Escherichia coli mellan människa,
djur och miljö: en litteraturstudie ur
ett One Health-perspektiv**

**Circulation of ESBL-producing
Escherichia coli between humans,
animals and the environment: a
literature review from a One Health
approach**

Examensarbete för magisterexamen med huvudområdet
Folkhälsovetenskap

Avancerad nivå 15 högskolepoäng

Höstterminen 2025

Student: Naima Isman Ismail & Mahbuba Abdillahi Ahmed

Handledare: Viveca Larsson

Examinator: Koustuv Dalal

FÖRORD

Arbetet med denna studie hade inte varit möjligt utan det stöd vi fått från flera håll. Vi vill därför rikta ett varmt tack till alla som på olika sätt har bidragit längs vägen. Våra nära och kära förtjänar särskild uppskattning för sin förståelse, sitt engagemang och sin uppmuntran under en period som stundtals varit krävande men samtidigt mycket lärorik.

Vi vill även framhålla vår handledare, Viveca Larsson, vars vägledning varit av avgörande betydelse genom hela arbetsprocessen. Hennes tillgänglighet, konstruktiva synpunkter och trygga förhållningssätt har skapat goda förutsättningar för vårt arbete, något vi är mycket tacksamma för.

Slutligen vill vi tacka vår examinator, Koustuv Dalal, för värdefulla kommentarer och professionell återkoppling som bidragit till att stärka studiens kvalitet.

Januari 2026

Stockholm

Naima Isman Ismail & Mahbuba Abdillahi Ahmed

SAMMANFATTNING

Titel: Cirkulation av ESBL-producerande *Escherichia coli* mellan människa, djur och miljö: en litteraturstudie ur ett One Health-perspektiv

Författare: Naima Isman Ismail & Mahbuba Abdillahi Ahmed

Avdelning/Institution: Avdelningen för folkhälsovetenskap, Institutionen för hälsovetenskaper, Högskolan i Skövde

Kurs: Examensarbete inom folkhälsovetenskap: Smittskydd och vårdhygien A1E, 15 hp

Handledare: Larsson, Viveca

Examinator: Dalal, Koustuv

Nyckelord: Extended Spectrum Beta-Lactamase-producerande *Escherichia coli*, One-Health-perspektiv, antibiotikaresistens, Folkhälsovetenskap, strukturella faktorer

Sammanfattning

Bakgrund: Antibiotikaresistens utgör ett växande globalt folkhälsoproblem. Spridningen av Extended Spectrum Beta-Lactamase (ESBL)-producerande *Escherichia coli* är särskilt problematisk, eftersom bakterien förekommer inom humanmedicin, djurhållning och miljörelaterade sammanhang. Detta möjliggör cirkulation av resistent bakterier mellan olika domäner och motiverar ett integrerat One Health-perspektiv. **Syfte:** Syftet med denna litteraturstudie var att, ur ett One Health-perspektiv, sammanställa och syntetisera hur ESBL-producerande *E. coli* cirkulerar mellan människa, djur och miljö samt att identifiera centrala strukturella områden med potential att begränsa spridningen. **Metod:** Studien genomfördes som en kvalitativ litteraturstudie där 20 vetenskapliga originalartiklar med empiriska data inkluderades. Materialet analyserades med tematisk analys enligt Braun och Clarke. Endast studier som explicit behandlade ESBL-producerande *E. coli* och som hade koppling till minst två One Health-domäner inkluderades. **Resultat:** Analysen resulterade i fyra övergripande teman: (1) miljö med fokus på vatten-, sanitets- och avloppssystem, (2) djurhållning och livsmedelssystem, (3) hushåll och samhällskontext samt (4) genomisk övervakning. Resultaten visar att cirkulationen av ESBL-producerande *E. coli* i hög grad formas av strukturella förhållanden och återkommande exponeringar inom sammanlänkade system snarare än av enskilda överföringstillfällen. **Slutsats:** Studien visar att spridningen av ESBL-producerande

E. coli är ett komplext och tvärsektorielt problem som kräver integrerade och långsiktiga insatser. One Health-ramverket är centralt för att identifiera strukturella angreppspunkter och utveckla hållbara strategier för att begränsa antibiotikaresistens.

ABSTRACT

Title: Circulation of ESBL-producing *Escherichia coli* between humans, animals and the environment: a literature review from a One Health-approach

Author: Naima Isman Ismail & Mahbuba Abdillahi Ahmed

Dept./School: Department of Public Health, School of Health Sciences,
University of Skövde

Course: Master's degree Project in Public Health Science: Infection
Prevention and Control A1E, 15 ECTS

Supervisor: Larsson, Viveca

Examiner: Koustuv Dalal

Keywords: Extended Spectrum Beta-Lactamase- producing
Escherichia coli, One Health approach, Antibiotic
resistance, public health science, structural factors

Abstract

Background: Antibiotic resistance is an increasing global public health challenge. The spread of Extended-Spectrum Beta-Lactamase (ESBL)-producing *Escherichia coli* is particularly concerning, as the bacterium occurs across human, animal, and environmental contexts. This enables the circulation of resistant bacteria between domains and highlights the relevance of a One Health perspective. **Aim:** The aim of this literature review was to synthesize, from a One Health perspective, how ESBL-producing *E. coli* circulates between humans, animals, and the environment, and to identify key structural areas with potential to limit its spread. **Method:** This study was conducted as a qualitative literature review. A total of 20 peer-reviewed original research articles based on empirical data were included. The material was analysed using thematic analysis according to Braun and Clarke. Only studies explicitly addressing ESBL-producing *E. coli* and involving at least two One Health domains were included. **Results:** The analysis identified four overarching themes: (1) environmental factors, including water, sanitation, and wastewater systems; (2) animal husbandry and food systems; (3) household and community contexts; and (4) genomic surveillance. The findings indicate that the circulation of ESBL-producing *E.*

coli is largely shaped by structural conditions and recurrent exposures within interconnected systems rather than by isolated transmission events. **Conclusion:** The study demonstrates that the spread of ESBL-producing *E. coli* is a complex, cross-sectoral issue requiring integrated and long-term approaches. The One Health framework is essential for identifying structural points of intervention and developing sustainable strategies to limit antibiotic resistance.

ORDLISTA

Förkortningar	Begrepp
ABR	Antibiotikaresistens/-en
ABK	Antibiotikakonsumtion
AMK	Antimikrobiell konsumtion
AMR	Antimikrobiell resistens
<i>E. coli</i>	<i>Escherichia coli</i>
ESBL	Extended Spectrum Beta-Lactamase
GLASS	Global Antimicrobial Resistance Surveillance System
PRISMA	Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses
WAAW	World AMR Awareness Week

INNEHÅLLSFÖRTECKNING

1	INTRODUKTION	1
1.1	Antibiotikaresistens som globalt folkhälsoproblem	1
1.2	ESBL-producerande <i>Escherichia coli</i>	2
1.3	Konsekvenser för folkhälsan	3
1.4	One Health-perspektivet – teoretiskt ramverk	4
1.5	Folkhälsovetenskaplig relevans	5
1.6	Hållbar utveckling & digitaliserade samhället	7
1.7	Problemformulering	8
2	SYFTE	10
3	METOD	11
3.1	Urvalsprocessen	11
3.2	Datainsamling	11
3.3	Kvalitetsgranskning	13
3.4	Analys	13
3.5	Etiska överväganden	14
4	RESULTAT	15
4.1	Tematisk resultatanalys	15
5	DISKUSSION	21
5.1	Sammanfattande tolkning av huvudresultat	21
5.2	Tolkning per tema i relation till tidigare forskning	22
5.3	Folkhälsovetenskapliga implikationer ur ett One Health-perspektiv	25
5.4	Metoddiskussion – metodologiska styrkor och begränsningar	26
5.5	Kunskapsluckor och vidare forskning	28
5.6	Slutsats	30
6	Referenser	32
	BILAGA 1	36

1 INTRODUKTION

1.1 Antibiotikaresistens som globalt folkhälsoproblem

Antimikrobiell resistens (AMR) är ett växande globalt folkhälsoproblem som hotar både människors, djurs och miljöns hälsa. Begreppet AMR omfattar mikroorganismer såsom bakterier, virus, svampar och parasiter, som utvecklar försvarsmekanismer mot antimikrobiella medel som normalt skulle hämma eller eliminera dem. En särskilt allvarlig del av AMR är antibiotikaresistens (ABR), där bakterier blir motståndskraftiga mot antibiotika som tidigare varit effektiva (WHO, 2023; Folkhälsomyndigheten, 2025). Denna resistensutveckling drivs främst av överanvändning och felanvändning av antibiotika inom humanmedicin, livsmedelsproduktion och djurhållning (Laxminarayan et al., 2016). Antibiotika säljs än idag receptfritt i många låg- och medelinkomstländer, vilket bidrar till okontrollerad användning men också en selektion av resistent bakterier. Resistensgener och antibiotikarester sprids via avloppsvatten, gödsel och jordbruk till vattenmiljöer och jordar, där de fortsätter att selekteras (Laxminarayan et al., 2016).

Den ökade spridningen av resistent bakterier riskerar att försvaga möjligheten att behandla infektioner och att genomföra säkra medicinska behandlingar, såsom intensivvård, kirurgiska ingrepp och cancerterapi (WHO, 2023). Det som ytterligare påskyndar spridningen är globalisering och den ökade rörligheten av människor, livsmedel och djur. Internationella resor, migration och handel medför att resistent bakterier och deras gener sprids snabbt mellan regioner (Hernando-Amado et al., 2019). Den internationella organisationen Organisation for Economic Co-operation and Development (OECD, 2018) uppskattar att ABR årligen kan leda till miljontals dödsfall och miljardkostnader, samtidigt som den hotar djurhälsa, ekosystemens stabilitet och livsmedelssäkerheten (World Bank, 2017). Problemet är alltså inte begränsat till sjukvården utan har en tydlig koppling till antibiotikaanvändning inom djurhållning och miljöförroreningar. Antibiotikaresistens är därmed inte ett framtida utan ett pågående problem, eftersom antalet infektioner orsakade av resistent bakterier fortsätter att öka. WHO uppmärksammar frågan årligen genom World AMR Awareness Week (WAAW), som senast hölls i november 2025 (WHO, 2025).

I Sverige har regeringen gett Folkhälsomyndigheten och Jordbruksverket i uppdrag att samordna ett tvärsektoriellt arbete mot antibiotikaresistens genom en nationell samverkansfunktion som omfattar flera myndigheter och organisationer. Inom ramen för detta arbete har en gemensam handlingsplan för perioden 2021–

2025 tagits fram i syfte att stärka samordningen mellan berörda sektorer (Folkhälsomyndigheten, 2025).

De gramnegativa stavarna inom familjen Enterobacterales, och i synnerhet *Escherichia coli* (*E. coli*), är de bakterier som särskilt bidragit till utvecklingen av resistensproblematik. Arten har haft en central roll i spridningen av en av de mest kliniskt betydelsefulla resistensmekanismerna vilka är Extended Spectrum Beta-Laktamaser (ESBL) som fungerar både som indikator- och reservoarorganism för resistensgener. Detta gör ESBL-producerande *E. coli* till ett relevant forskningsområde som bidrar till ökad förståelse för hur resistens utvecklas och överförs mellan människor, djur och miljö (ECDC, 2024; WHO, 2024).

1.2 ESBL-producerande *Escherichia coli*

Escherichia coli är en vanlig del av människors och djurs tarmflora men kan som opportunistisk patogen orsaka både vårdrelaterade och samhällsförvärvade infektioner såsom urinvägsinfektioner och sepsis (Folkhälsomyndigheten, 2014b). ESBL-bildande *E. coli* är en gramnegativ bakterie som är tredje generationens cefalosporin resistent som orsakar allvarliga infektioner. Det som gör bakterien särskilt farlig är att den bär antibiotikaresistenta gener bland annat ESBL generna SHV, CTX-M och TEM samt virulensgener (James et al., 2025). Resistensmekanismer är att bakterien, med hjälp av resistensgenerna, producerar enzym som kallas betalaktamaser som genom hydrolyt inaktiverar betalaktamantibiotika. Antibiotikaresistensen kan överföras med hjälp av konjugerade plasmider. Dessa plasmider kan samtidigt bära flera resistenta determinanter, vilket gynnar multiresistensen (Brauner, 2021).

ESBL-producerande *E. coli* använder sig av flera olika virulensmekanismer för att orsaka sjukdom såsom att fästa vid värdceller, tränga igenom cellmembranet, konkurrera om järn, producera gifter, invadera celler samt att undvika immunsystemets försvar. Både ABR och virulensgener är avgörande för att patogena bakterier ska kunna anpassa sig till och överleva i konkurrensutsatta mikrobiella miljöer. Genom att utveckla resistens mot antibiotika och samtidigt behålla eller förstärka sina virulensegenskaper, kan ESBL-producerande *E. coli* försvara sig mot både kroppens immunförsvar och medicinsk behandling (James et al., 2025). ESBL-producerande *E. coli* är anmälningspliktig och i vissa fall smittspårningspliktig (ESBL-CARBA) som ger upphov till resistens mot cefalosporiner som är

bredspektrumantibiotika som cefotaxim och/eller ceftazidim och/eller karbapenemer (Folkhälsomyndigheten, 2014a).

Den globala förekomsten av ESBL-producerande *E. coli* varierar i världen. I Europa har nordiska länderna låga nivåer resistens mot tredje generationens cefalosporiner medan syd- och östeuropeiska länder har rapporterat de högsta andelarna (ECDC, 2024). Däremot har det påvisats utbredd, över 50 %, förekomst i delar av Asien och Afrika (WHO, 2024). Spridningen drivs av samspelet mellan sektorerna eftersom bakterien förekommer i vården, i livsmedelskedjan samt i miljö som i avlopps- och ytvatten. Detta medför påtagliga konsekvenser för folkhälsan.

1.3 Konsekvenser för folkhälsan

För att mäta den globala bördan av AMR och antimikrobiell konsumtionen (AMK) lanserade Världshälsoorganisationen år 2015 systemet Global Antimicrobial Resistance Surveillance System (GLASS) (WHO report, 2022). Antibiotikaresistenta bakteriers spridning, särskilt ESBL-producerande *E. coli*, medför omfattande konsekvenser, inte bara på individnivå utan även på samhällsnivå. Ur ett folkhälsoperspektiv innebär utvecklingen att tidigare behandlingsbara infektioner åter blir livshotande. På individnivå orsakar infektioner med ESBL-bildande *E. coli* längre vårdtider, ett ökat behov av mer avancerade antibiotika samt högre vårdkostnader (Folkhälsomyndigheten, 2023). Risken för komplikationer, återinfektioner och dödsfall ökar dessutom när tillgången till effektiva behandlingsalternativ är begränsad (WHO, 2024).

När standardbehandlingar inte längre är effektiva ökar belastningen på vårdsystemen, liksom behovet av kostsamma reservantibiotika, vilket i sin tur förvärrar ojämlikheter i tillgång till vård (OECD, 2018). En omfattande internationell studie uppskattar att omkring 4,95 miljoner dödsfall under 2019 var relaterade till bakteriell ABR, varav 1,27 miljoner direkt kunde kopplas till infektioner orsakade av resistenta bakterier. Detta innebär att ABR redan idag står bakom fler dödsfall globalt än både HIV/AIDS och malaria (Antimicrobial Resistance Collaborators, 2022). Enligt ECDC (2024) uppskattas mer än 35 000 dödsfall årligen i Europa vara kopplade till antibiotikaresistenta infektioner, där den vanligaste bakomliggande patogenen är *E. coli*.

ABR hotar säkerheten vid medicinska ingrepp såsom transplantationer, förlossningsvård och cancerbehandling, där profylaktiska antibiotika är nödvändig för att förebygga infektioner (WHO, 2023). Ur ett folkhälsoperspektiv utgör detta en direkt utmaning mot målet om god och jämlik hälsa. I jämförelse med höginkomstländer, som har tillgång till reservantibiotika och avancerad diagnostik, saknar många låg- och medelinkomstländer fungerande laboratoriekapacitet och

övervakningssystem (Mendelson et al., 2024). Därav är ABR inte enbart ett medicinskt problem, utan även en rättvise- och utvecklingsfråga som förstärker de globala hälsoklyftorna.

Den ökade spridningen av ESBL-producerande *E. coli* tydliggör sambandet mellan människors hälsa och samhällets övergripande hållbarhet. Eftersom frågan berör alla samhällssektorer krävs det långsiktiga och tvärsektoriella insatser, One Health-arbetsätt, för att motverka resistensutvecklingen genom att bekämpa resistensen på ett hållbart sätt.

1.4 One Health-perspektivet – teoretiskt ramverk

Det krävs ett teoretiskt ramverk för att hantera och förstå den komplexa spridningen av ABR som kan omfatta interaktionen mellan människa, djur och miljö. En helhetsmodell är One Health-ansatsen som är ett övergripande vetenskapligt ramverk och en strategi mot ABR (OHHLEP, 2022; WHO 2024). One Health-perspektivet utgör ett integrerat och tvärsektoriellt angreppssätt som syftar till att hållbart främja och optimera hälsan hos människor, djur och ekosystem. Perspektivet bygger på förståelsen att människors, djurs och miljöns hälsa är nära sammankopplade och ömsesidigt beroende av varandra (OHHLEP, 2022; WHO, 2024). Ansatsen är för att balansera och optimera hälsan för alla dessa tre på ett holistiskt sätt. För att förstå och hantera spridningen av resistenta bakterier krävs ett One Health-perspektiv, där människans, djurens och miljöns hälsa betraktas som sammanlänkade (Lonsdale & Lipman, 2019).

One Health-perspektivet är särskilt viktigt i arbetet mot ABR eftersom resistenta mikroorganismer kan spridas snabbt via hälso- och sjukvårdsinrättningar, djur, livsmedel och miljön (jord och vatten). Samspelet som bidrar till resistensutvecklingen är att antibiotika används inom sjukvård, djurhållning, livsmedel och kommer in i miljön (i jord och vatten) vilket bidrar till ökad smittspridning, försvåras infektionsbehandling samt ökar dödligheten. Därför spelar One Health-ansatsen en central roll i hanteringen av AMR genom att möjliggöra samverkan mellan olika sektorer, discipliner och aktörer på flera samhällsnivåer i syfte att uppnå gemensamma och långsiktiga mål. För att förebygga utveckling av resistensen krävs samarbete mellan medicin, veterinärmedicin, miljövetenskap och samhällsvetenskap (OHHLEP, 2022). Det krävs långsiktigt globalt arbete, för de allvarliga konsekvenser som ABR medför, som fokuserar förebyggande insatser, övervakning samt samordning mellan sektorer. Detta arbete är beroende av fyra centrala strategier såsom förstärkt infektionskontroll, rationell antibiotikaanvändning, utveckling av nya behandlingsalternativ samt övervakning av ABR och antibiotikakonsumtion (ABK) (WHO, 2023).

Det preventiva arbetet för infektionsförebyggande insatser, som krävs för att förhindra resistensspridningen och förstärka infektionskontrollen, är bland annat adekvat sanitet, god handhygien, effektiv avfallshantering samt säkra livsmedelssystem. En annan viktig förebyggande åtgärd är rationell antibiotikaanvändning, det vill säga minska AMK genom korrekt förskrivning, öka kunskaper om ABR för både vårdpersonal och allmänhet samt begränsning av AMK inom djurhållning (ECDC, 2024; WHO, 2023). Bristande infrastruktur försvårar ofta kontrollen av smittspridning i låg- och medelinkomstländer då är dessa åtgärder är särskilt viktiga (Mendelson et al., 2024).

Sedan 1995 har Danmark så kallade DANMAP som är skapat för att motverka ABR genom övervakning. DANMAP är One-Health-ansats, dvs en integrerad sektorsövergripande övervakning av AMK vilket inkluderas också förekomsten av resistenta bakterier i mat, människor samt djur (DANMAP). Detta synsätt har konkretiserats i Sverige genom det nationella arbetet "En samlad svensk strategi mot antimikrobiell resistens" som är strategin för att motverka ABR som markerar samarbetet mellan olika samhällssektorer (Regeringskansliet, 2020). Folkhälsomyndigheten, Statens veterinärmedicinska anstalt och Jordbruksverket har långsiktigt samarbete i Sverige som skapat restriktiv antibiotikaanvändning och har bidragit till en av de lägsta nivåerna antibiotikaanvändning i Europa. STRAMA, vårdhygien och smittskydd har kontinuerligt samarbete för effektivt smittskyddsarbete (SWEDRES-SVARM, 2024).

För att uppnå hållbara lösningar på folkhälsoproblematiken ABR är One Health-ansatsen inte bara en praktisk nödvändighet utan vetenskaplig förutsättning för att skapa tvärvetenskapliga och globala insatser som främjar hälsa. Vilket är en central helhetssyn ur ett folkhälsovetenskapligt perspektiv.

1.5 Folkhälsovetenskaplig relevans

Ur ett folkhälsovetenskapligt perspektiv utgör ABR, särskilt spridningen av ESBL-producerande *E. coli*, en betydande folkhälsoutmaning som påverkar hälsa, vårdssystem, miljö och livsmedelsförsörjning. Frågan är därmed direkt kopplad till folkhälsovetenskapens centrala mål: att främja befolkningens hälsa, förebygga sjukdom och minska ojämlikhet.

Konsekvenserna av ABR sträcker sig även bortom sjukvårdens gränser. Eftersom ABR påverkar flera nivåer av samhället och hälsosystemet, från individens behandlingsmöjligheter till den globala livsmedelssäkerheten, utgör den en systemisk och tvärasektoriell hälsoutmaning. Forskning visar att spridningen av resistens inte enbart drivs av biologiska processer, utan även formas av sociala, ekonomiska och

politiska faktorer, såsom tillgång till vård, utbildningsnivå, antibiotikapolicyer och jordbrukssystem (Mendelson et al., 2024). Ur ett ekonomiskt perspektiv innebär ABR en betydande samhällsörda. ABR orsakar betydande samhällsekonomiska förluster. Exempelvis har kostnaderna uppskattats till 0,5 miljarder USD för USA och 2,9 miljarder USD för Thailand (Gabriella et al., 2023). Enligt OECD (2018) skulle länder inom EU kunna spara upp till 1,3 miljarder euro årligen genom grundläggande förebyggande åtgärder såsom minskad antibiotikaförskrivning, vaccinationsprogram och förbättrad handhygien. Detta gör ABR till en komplex folkhälsofråga som kräver koordinerade insatser mellan flera samhällssektorer.

Ett av folkhälsovetenskapens grundläggande mål är att identifiera och minska hälsoklyftor, både nationellt och globalt. Antibiotikaresistens motverkar detta mål, eftersom låg- och medelinkomstländer ofta saknar resurser för att övervaka, diagnostisera och behandla resistenta infektioner. Följden blir en oproportionerligt hög sjuklighet och dödlighet i redan utsatta grupper, vilket underminerar målet om global jämlik hälsa (WHO, 2023).

Erfarenheter från Sverige visar att restriktiv antibiotikaanvändning inom både human- och djurhållning kan ge goda resultat när folkhälsoinsatser baseras på vetenskapligt underlag, samverkan och långsiktighet (SWEDRES-SVARM, 2024). Detta understryker betydelsen av One Health-perspektivet, som integrerar förebyggande arbete över sektorsgränser från vårdhygien och infektionskontroll till ansvarsfull antibiotikaanvändning inom livsmedelsproduktionen och därigenom stärker folkhälsans tvärvetenskapliga dimension (OHHLEP, 2022).

Antibiotikaresistensens betydelse ur ett folkhälsoperspektiv kan belysas genom tre huvudsakliga dimensioner (WHO, 2023):

1. Hälsoeffekter - innefattar ökad sjuklighet, mortalitet och belastning på hälso- och sjukvårdssystemen.
2. Sociala effekter - växande ojämlikheter och bristande tillgång till säker vård bidrar till social sårbarhet.
3. Strukturella effekter - omfattar risker för hållbar utveckling, livsmedelsförsörjning och ekonomisk stabilitet.

Ett folkhälsovetenskapligt angreppssätt som förenar epidemiologisk forskning, beteendevetenskapliga insikter och hälsopolitiska överväganden möjliggör en mer hållbar motverkan mot ABR. Tillämpning av denna tvärvetenskapliga metod leder till att insatser, som främjar både befolkningens hälsa och långsiktig samhällsutveckling, utformas. Denna integrerade strategi ligger i linje med FN:s Agenda 2030, som lyfter

fram vikten av att samordna insatser för hälsa, jämlikhet och hållbar samhällsutveckling (United Nations, 2015).

1.6 Hållbar utveckling & digitaliserade samhället

Antibiotikaresistens utgör ett betydande hinder för den globala hållbara utvecklingen, då problematiken omfattar flera dimensioner av Agenda 2030, ekonomiska, miljömässiga och sociala, vilka har en direkt koppling till flera av FN:s globala mål (United Nations, n.d., 2015). Mål tre av Agenda 2030 är för god hälsa och välbefinnande. Resistensutvecklingen hotar detta mål eftersom det försvårar behandlingen och förhindrar framstegen inom modern medicin. Det är inte enbart detta mål som påverkas av problematiken utan det sträcker sig även andra mål såsom mål sex - rent vatten och sanitet; mål 12 - hållbar konsumtion samt produktion; mål 13 - bekämpa klimatförändringarna. Resistent bakterier sprids om det finns bristande avlopps- och reningssystem, om läkemedelsrester inte hanteras på ett adekvat sätt och om antibiotika inte används på ett ansvarsfullt sätt samt genom förändrade ekosystem och sjukdomsmönster (Regeringskansliet, 2020).

Flera förutsättningar för hållbar utveckling hotas av ABR såsom ekonomisk stabilitet där ABR bidrar till minskad tillväxt av den globala BNP (OECD, 2018). Detta visar att insatsen mot ABR är inte enbart investering för hälsan men också för hållbar ekonomi och miljö. Jämlik resursfördelning och solidaritet är ett hållbart globalt svar på ABR. Basala folkhälsoinsatser såsom rent vatten, övervakning och laboratoriediagnostik saknas i flera låg- och medelinkomstländer och att stärka dessa är en förutsättning för att uppnå Agenda 2030 (Mendelson et al., 2024).

Digitalisering har identifierats som en framväxande bestämningsfaktor för hälsa och påverkar i ökande grad hur antibiotikaresistens kan övervakas och analyseras. Genom integration av realtidsbaserad analys, storskaliga datakällor, digital infrastruktur och artificiell intelligens möjliggör digitaliseringen en mer effektiv och samordnad övervakning av hälsotrender (Kickbusch et al., 2021). En tillförlitlig bild av det epidemiologiska läget för ESBL-producerande *E. coli* kräver en välstrukturerad övervakning, standardiserade mikrobiologiska metoder och systematisk rapportering av data. Inom ett One Health-perspektiv har digitala övervakningssystem och genomiska metoder möjliggjort integrering av data från människa, djur och miljö, vilket är centralt för att förstå spridningsmönster av ESBL-producerande *E. coli*. Särskilt har kombinationen av helgenomsekvensering och digital datahantering förbättrat möjligheten att identifiera genetiska samband mellan isolat från olika One Health-domäner och därigenom synliggjort spridningens tvärsektoriella karaktär (Djordjevic et al., 2024). Betydelsen av god styrning, skydd av personuppgifter, transparent hantering och jämlik tillgång framhävs som avgörande för att undvika

felaktig rapportering, missbruk av data och förstärkta ojämlikheter i övervakningen (Kickbusch et al., 2021). En ojämlik tillgång till digital infrastruktur och analytisk kapacitet kan begränsa resistensövervakningen i vissa regioner (Kickbusch et al., 2021). Vilket riskerar att skapa kunskapsluckor i den globala förståelsen av spridningen av ESBL-bildande *E. coli*. Effektiv övervakning underlättar tidig identifiering av spridning och stödjer vårdpersonal, smittskydd och vårdhygien i att genomföra riktade smittspårnings- och förebyggande insatser. Dessutom möjliggör den att individer får tillgång till korrekt information och adekvat behandling, vilket i sin tur kan minska fortsatt spridning av ESBL-producerande *E.coli*. Digitalisering framstår som en central möjliggörare för integrerad AMR-övervakning inom One Health-perspektivet men dess potential är beroende av samordning, standardisering och jämlik tillgång till digitala resurser.

One Health-ramverket främjar hållbar utveckling genom integrerade och tvärvetenskapliga åtgärder där olika sektorer i samhället samverkar.

1.7 Problemformulering

Antibiotikaresistens har utvecklats till ett alltmer betydande globalt folkhälsoproblem som innebär en allvarlig utmaning för modern infektionsbehandling och samtidigt begränsar möjligheterna till effektiv behandling av infektionssjukdomar världen över. Bland antibiotikaresistenta bakterier har ESBL-producerande *E. coli* identifierats som särskilt problematisk, både ur ett kliniskt perspektiv och som ett centralt exempel på en bakterie med betydelse för människors och djurs hälsa samt för miljön, till följd av dess förekomst i flera biologiska och ekologiska sammanhang. Bakteriens förekomst inom flera ömsesidigt sammankopplade domäner möjliggör fortlöpande och återkommande spridning mellan sektorer, vilket begränsar effektiviteten i traditionella kontrollstrategier och komplicerar åtgärder som bygger på sektorsvisa angreppssätt.

Trots att forskningen om ESBL-producerande *E. coli* är relativt omfattande har den i huvudsak bedrivits inom enskilda sektorer, vilket innebär att studier ofta präglas av ett avgränsat sektorfokus trots bakteriens komplexa spridningsmönster. Detta leder i sin tur till en splittrad och ofullständig förståelse av hur bakterien överförs och cirkulerar mellan olika domäner. Avsaknaden av integrerade analyser försvårar identifieringen av övergripande spridningsmönster samt de strukturella sammanhang där spridningen tar form och vidmakthålls.

Inom ramen för One Health, där sambanden mellan människors, djurs och miljöns hälsa betonas, framstår bristen på integrerad och sammanhängande kunskap som en betydande och särskilt problematisk kunskapslucka. För att förstå och hantera spridningen av ESBL-producerande *E. coli* krävs en sammanhållen syn på hur bakterien cirkulerar mellan olika domäner och vilka strukturella områden som är

gemensamma för dessa. Utan en sådan syntetiserande överblick riskerar insatser att förbli sektorsvisa och därmed begränsade i sin effektivitet.

Mot denna bakgrund framstår behovet av att sammanföra och syntetisera aktuell forskning ur ett integrerat One Health-perspektiv som tydligt. En sådan syntes kan bidra till fördjupad förståelse av cirkulationsmönster och belysa centrala strukturella områden där samordnade insatser kan vara särskilt betydelsefulla för att begränsa spridningen av ESBL-producerande *E. coli* ur ett folkhälsoperspektiv.

2 SYFTE

Syftet med denna litteraturstudie var att, utifrån ett One Health-perspektiv, sammanställa och syntetisera hur antibiotikaresistenta ESBL-producerande *Escherichia coli* cirkulerar mellan människa, djur och miljö, samt att belysa centrala strukturella områden för att begränsa spridningen.

3 METOD

För att sammanställa och syntetisera senaste forskningen om hur ESBL-producerande *E. coli* cirkulerar mellan människa, djur och miljö ur ett One Health-perspektiv gjordes en strukturerad litteraturstudie med tematisk ansats. Metodvalet möjliggjorde en integrerad analys av empiriska studier från olika domäner och kontexter, med syfte att identifiera återkommande mönster och strukturella förhållanden som påverkar cirkulationen av antibiotikaresistenta ESBL-producerande *E. coli*.

3.1 Urvalsprocessen

Inklusionskriterierna för urvalsprocessen var att artiklarna var vetenskapliga originalartiklar som var peer-reviewed. Avgränsningar som valdes var att studierna skulle vara skrivna på engelska eller svenska samt publicerades mellan år 2020 och 2025. Ett annat inklusionskriterium var att studierna undersökte ESBL-producerande *E. coli* ur ett One-health-perspektivet det vill säga koppling till One Health domäner antingen från människa, djur och miljö. Syftet med dessa kriterier var att säkerställa att endast relevanta, aktuella och vetenskapligt tillförlitliga studier inkluderades. Studier som endast fokuserade på en enskild domän, andra bakterier, eller som var översiktsartiklar exkluderades. Vetenskapliga databaserna MEDLINE-EBSCO och Web Of Science användes som datainsamlingsmetod.

Avgränsningen till studier publicerade mellan 2020 och 2025 motiverades av den snabba utvecklingen inom forskning om antibiotikaresistens, särskilt avseende ESBL-producerande *E. coli*, genomiska metoder och tillämpningen av One Health-perspektivet. Äldre studier riskerar att bygga på föråldrade metoder och kan därmed ha begränsad relevans för att spegla aktuella spridningsmönster. Tidsavgränsningen syftade även till att säkerställa att resultaten är relevanta för nuvarande folkhälsopraxis och internationella riktlinjer.

För att öka tydlighet och transparens av urvalsprocessen dokumenterades det i en tabell (se Tabell 1). Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses (PRISMA) användes för att bearbeta vid urval av artiklar (Page et al., 2021).

3.2 Datainsamling

Datainsamlingen genomfördes genom att artiklarna söktes i vetenskapliga databaserna MEDLINE Ebsco och Web Of Science för att besvara syftet. MEDLINE valdes för sin omfattande täckning av biomedicinsk och folkhälsovetenskaplig forskning, medan Web of Science inkluderades för sin tvärvetenskapliga inriktning. Sökorden som användes var bland annat "Extended Spectrum Beta-Lactamase", "*Escherichia coli*", "One Health approach" samt "Transmission" (se tabell 1). Testsökningar gjordes och termerna kombinerades på olika sätt. Avancerade sökningar i MEDLINE användes Medical Subject Heading (MeSH)- termer också

och även Text words (TX) för att kunna söka i titel, abstrakt och nyckelorden. MeSH termerna skrevs med MH framför ordet och TX användes för de andra orden och kombinerades i ett sökblock med boolesk sökning med "AND" och "OR" för att begränsa och få fram relevanta och specifika sökningar. I databasen Web of Science har sökstrategier utförts på samma sätt, dock utan MH och TX eftersom det inte behövs.

Tillsammans möjliggjorde databaserna ett urval av studier som stödjer ett One Health-perspektiv i linje med studiens syfte. Totalt identifierades 281 träffar från MEDLINE-EBSCO och 246 från Web Of Science som granskades genom att först läsa titel och abstrakt. Artiklarna exkluderades om de inte nämnde både ESBP och One-Health i titel samt abstrakt. Relevanta artiklar lästes därefter i fulltext och bedömdes utifrån inklusions- och exklusionskriterierna (se tabell 1).

Tabell 1. Översikt av litteratursökning och urvalsprocessen

Databas och Datum	Sökord / söksträng/sökterm	Avgränsningar	Antal träffar	Exkluderade efter titel/abstrakt	Lästa i fulltext	Exkluderade efter fulltext	Inkluderade i analys
MEDLINE-EBSCO 01 dec 2025	((MH "Beta-Lactamases Extended Spectrum" OR TX ESBP OR TX "Extended Spectrum Beta-Lactamase")) AND ((MH " <i>Escherichia coli</i> " OR TX " <i>Escherichia coli</i> " OR TX " <i>E. coli</i> ")) AND ((TX "One Health" OR TX "One Health approach" OR TX "One Health perspective" OR TX "One Health strategies")) AND ((MH "Transmission" OR TX "Spread"))	5 år årtal mellan 2020–2025 Engelska & svenska Sökfält: all fields Avancerad sökning	281	251	30	17	13
Web Of Science 01 dec 2025	(((" OR" ESBP" OR "Extended Spectrum Beta-Lactamase")) AND (" <i>Escherichia coli</i> " OR " <i>E. coli</i> ")) AND ("One Health" OR "One Health approach" OR "One Health perspective" OR "One Health strategies")) AND ("Transmission" OR "Spread"))	5 år årtal mellan 2020–2025 Engelska & svenska Sökfält: all fields Avancerad sökning	246	221	25	18	7

3.3 Kvalitetsgranskning

Kvalitetsbedömningen av samtliga inkluderade originalartiklar genomfördes med Critical Appraisal Skills Programme (CASP) för att bedöma trovärdighet, relevans och metodologisk styrka. Kvalitetsgranskningen skedde med hjälp av CASP-checklista (CASP, 2018). Därefter inkluderades endast artiklar som uppfyller grundläggande kvalitetskriterier i analysen. Artiklarna granskades genom att söka tidskriften i Ulrichsweb för att säkerställa att de var peer- reviewed.

3.4 Analys

Tematisk ansats enligt Braun och Clarke (2006) användes för att bearbeta, analysera och tolka det insamlade materialet. Tematiska analysen genomfördes i sex steg. I samtliga inkluderande artiklar lästes resultatdelarna igenom upprepade gånger för att skapa helhetsförståelse av materialet. Relevanta textavsnitten kodades strukturellt. Meningsbärande enheter identifierades och sedan kodades dessa induktivt det vill säga att koderna formulerades utifrån materialets innehåll snarare än utifrån förutbestämda kategorier. Återkommande koder och mönster identifierades (se tabell 2). För att identifiera likheter i innehåll jämfördes de initiala koderna strukturellt mellan studierna. Koder som beskrev liknande ämnen/fenomen grupperades tillsammans för att reducera antalet koder samt bidra mer en analytisk och sammanhållen struktur. Därefter organiserades de grupperade koderna till preliminära teman (Braun & Clarke, 2006). Sedan granskades preliminära teman. Utifrån examensarbetets syfte namngavs teman för att sedan sammanställas för att möjliggöra en integrerad förståelse av resultaten ur ett One Health-perspektiv. Analysprocessen resulterade i fyra övergripande teman och förekomst av teman presenteras i resultaten. Tabell 2 illustrerar analysprocessen och visar exempel på hur meningsbärande enheter successivt abstraherades till koder, grupperade koder och slutliga teman. Denna process möjliggjorde en systematisk syntes av studiernas innehåll och bidrog till att identifiera återkommande mönster relaterade till spridning och cirkulation av ESBL-producerande *E. coli* inom olika One-Health-domäner.

Den tematiska analysen innefattar en tolkningsprocess där forskarens förförståelse kan påverka kodning och tematisering. För att minska risken för subjektivitet genomfördes analysen gemensamt av båda författarna, med återkommande jämförelser av koder och teman tills konsensus uppnåddes. Analysprocessen präglades av reflexivitet, där kodernas relevans och tematisering kontinuerligt diskuterades i relation till studiernas innehåll och studiens syfte.

3.5 Etiska överväganden

Eftersom detta arbete är en litteraturstudie som baserad på redan publicerade vetenskapliga artiklar har ingen hantering av personuppgifter eller forskningspersoner förekommit. Etiska överväganden rör därför främst urval, granskning och redovisning av forskning, men även en reflektion kring om och hur de inkluderade studierna själva behandlar etiska frågor. Vid tolkning av tidigare forskning har författarna beaktat respektive studies etiska godkännande, metodologiska begränsningar och potentiella intressekonflikter.

Tabell 2. Exempel på den tematiska analysprocessen

Identifierade meningsbärande enheter	Initiala koder	Grupperade koder	Prelimära teman	Resultat-teman
Faktorer relaterade till förekomst	Miljö och infrastruktur	Dricksvattenkvalitet, avloppshantering, sanitet	Vatten, sanitet och avloppshantering	Tema 1 Vatten, sanitet och miljö
Spridningsvägar mellan människa, djur och miljö	Biosäkerhet på gårdsnivå, djur, livsmedel	Animalieproduktion	Djurhållning och livsmedelproduktion	Tema 2 Djurhållning och livsmedelssystem
Minskning eller kontroll av ESBL-bildande <i>E. Coli</i>	Avloppsrening, boendemiljö, kontakt med djur, hushåll, samhälle	Strukturella områden relaterade till spridning	Hushåll, samhälle och human kolonisation av ESBL-bilande <i>E. coli</i>	Tema 3 Hushåll, samhälle och human kolonisation
Åtgärder, strukturer eller förhållande som påverkar spridningen	Kartläggning, spridningsmönster, miljöreservoarer för ESBL, identifiering av spridda klonlinjer	Genomisk analys & övervakning	Övervakning och genomiska metoder	Tema 4 Övervakning och genomiska metoder

4 RESULTAT

För att belysa hur ESBL-producerande *E. coli* cirkulerar mellan människa, djur och miljö ur ett One Health-perspektiv, inkluderades totalt 20 vetenskapliga originalartiklar. Studierna är genomförda i olika geografiska kontexter och omfattar resultat från såväl human-, djur- som miljörelaterade domäner. En sammanfattande översikt av de inkluderade studierna återfinns i bilaga 1.

Resultatet bygger på en tematisk analys av artiklarnas resultatavsnitt och presenteras genom fyra övergripande teman som fångar återkommande mönster i forskningslitteraturen avseende cirkulation och spridningssammanhang för ESBL-producerande *E. coli*. Teman belyser centrala strukturella områden där spridning sker inom ramen för ett One-Health-arbetsätt. Dessa teman illustreras i figur 1.



Figur 1: Visar den fyra övergripande resultatteman

4.1 Tematisk resultatanalys

Tema 1 – Miljörelaterade strukturer -Vatten, sanitet och miljö

Flera av de inkluderade studiernas resultat visar att faktorer kopplade till vattenkvalitet, sanitet och avloppshantering utgör centrala komponenter i både spridningen och begränsningen av ESBL-producerande *E. coli*. Dessa miljörelaterade faktorer framträder som ett återkommande mönster oberoende av geografisk kontext och belyser miljöns funktion som en sammanlänkande arena mellan människa och djur inom ett One Health-perspektiv.

Forskning från låg- och medelinkomstländer visar konsekvent att bristande

avloppshantering och otillräckliga sanitetslösningar är associerade med hög förekomst av ESBL-producerande *E. coli* i både yt- och hushållsnära vattenmiljöer (VanderYacht et al., 2024; Khan et al., 2025; Tian et al., 2025). I dessa miljöer fungerar vatten inte enbart som exponeringskälla, utan även som en aktiv reservoar där resistent bakterier kan ackumuleras och spridas vidare till människor och djur.

Studien VanderYacht et al. (2024) visade exempelvis en nästan tusenfaldig ökning av *E. coli*-halter i bevattningsvatten nedströms en stad utan fungerande avloppsrening, tillsammans med en ökning av tredje generationens cefalosporinresistens från 6,7 % uppströms till 100 % nedströms. Dessa fynd talar om hur bristande infrastruktur kan skapa tydliga spridningsgradienter i miljön.

Liknande mönster rapporterades av Khan et al. (2025), där analys av 840 vattenprover från tre distrikt i Pakistan visade att ESBL-producerande *E. coli* förekom i en betydande andel av både dricks- och avloppsvatten. Fynden tyder på att vattenmiljöer i områden med begränsad infrastruktur fungerar som kontinuerliga spridningsnoder snarare än tillfälliga exponeringskällor.

Resultatet illustrerar samtidigt att förbättrad vattenhantering kan minska förekomsten av ESBL-producerande *E. coli*. Studien av Bastidas-Caldes et al. (2022) rapporterade att hushållsbaserad vattenfiltrering eliminerade detekterbar *E. coli*, inklusive ESBL-producerande stammar, i samtliga analyserade vattenprover efter intervention. Detta visar att relativt enkla tekniska åtgärder kan ha stor betydelse för att reducera mikrobiologiska risker på hushållsnivå.

Den centrala rollen som miljön har förstärkts ytterligare i studier som jämför förekomst mellan olika One Health-komponenter. I den longitudinella studien av Cocker et al. (2023) var förekomsten av ESBL-producerande Enterobacterales, inklusive *E. coli*, högre i flod- och dräneringsvatten än i humanprover, vilket betonar att miljön ofta utgör en mer belastad reservoar än människan själv.

Detta tema visar att tillgång till säkert dricksvatten, fungerande sanitet och effektiv avloppshantering utgör centrala strukturella områden där spridningen av ESBL-producerande *E. coli* kan begränsas över flera One Health-domäner. Miljörelaterade strukturer framträder därmed som centrala knutpunkter där insatser potentiellt kan få effekt inom både human-, djur- och miljörelaterade sammanhang.

Tema 2 - Djurhållning och livsmedelssystem

Detta tema belyser att djurhållning och livsmedelssystem fungerar som en betydelsefull arena där ESBL-producerande *E. coli* kan förekomma, etablera samt sprida sig vidare mellan One Health-domäner. Temat omfattar både primärproduktion och närliggande miljöer samt kontaktzoner där människor

exponeras genom arbete, djurhantering eller närhet till djurmiljöer. Det framträder ett mönster där ESBL-producerande *E. coli* inte enbart är kopplad till kliniska sammanhang, utan återfinns i flera delar av djurrelaterade system och därmed kan påverka folkhälsan via livsmedelskedjan och direktkontakt (Akkari et al., 2024; Aworh et al., 2020; Kim et al., 2021).

Ett återkommande fynd är att ESBL-producerande *E. coli* kan påvisas hos till synes friska produktionsdjur, vilket innebär att resistenta bakterier kan cirkulera i systemen utan att kliniska symtom uppträder. I en fjäderfästudie från Algeriet identifierades ESBL-fenotyp hos en andel av *E. coli*-isolat från friska fjäderfän, samtidigt som en stor andel isolat uppvisade multiresistens (Akkari et al., 2024). I ett nationellt övervakningsprogram i Sydkorea rapporterades ESBL-producerande *E. coli* i flera delar av fjäderfäproduktionen, vilket indikerar att resistens kan vara etablerad på systemnivå snarare än begränsad till enskilda besättningar eller isolerade miljöer (Kim et al., 2021).

Detta tema tyder också på att spridningsmönster blir särskilt tydliga i miljöer där djur och människor delar utrymmen eller där arbetsmiljöer skapar frekvent kontakt mellan sektorer. I en One-Health-studie från Nigeria påvisades ESBL-producerande *E. coli* parallellt hos människor, kycklingar och i fjäderfamiljöer, vilket indikerar parallell förekomst mellan domäner snarare än en isolerad källa (Aworh et al., 2020). Detta stärker tolkningen att djurrelaterade miljöer kan fungera som kontaktzoner där bakterier och resistensfaktorer cirkulerar mellan människa och djur.

Liknande mönster observerades i lantbruksproduktion där djur och människor ingår i samma lokala system. I en studie från Tjeckien påvisades cefotaximresistent *E. coli* hos en stor andel mjölkkalvar, och ESBL-gener förekom i majoriteten av isolaten. Denna förekomst rapporterades även hos personer som arbetade med djuren, vilket talar om att resistenta bakterier kan förekomma i både djur- och humanled inom samma gårdskontext (Masarikova et al., 2025).

Resultatet visar även att andra djurpopulationer, utöver produktionsdjur, kan bära ESBL-producerande *E. coli*. I en studie från Kanarieöarna identifierades ESBL-producerande *E. coli* hos tamkameler, vilket visar att även regionalt specifika bruksdjur kan ingå i resistensekologin (Carvalho et al., 2020). Studien av Zhou et al. (2022) rapporterade dessutom förekomst av ESBL-producerande *E. coli* hos hundar och katter i Kina, vilket indikerar att sällskapsdjur kan utgöra en relevant del av den djurrelaterade exponeringen i hushåll och samhälle. Detta understryker att resistensproblematiken i djurhållning inte förstås utan att samtidigt beakta den mänskliga exponeringsmiljön i produktionen.

Sammanfattningsvis framhäver detta tema att djurhållning och livsmedelssystem fungerar som centrala strukturer för spridning av ESBL-producerande *E. coli* mellan djur, människor och miljö. Förekomsten hos friska djur, överensstämmande fynd i

olika delar av systemet samt resultat från övervakningsstudier indikerar att resistensen vanligtvis är systembunden, snarare än begränsad till enskilda besättningar eller miljöer. Djurrelaterade system framträder därmed som viktiga komponenter i förståelsen av spridningsmönster inom ett One Health-sammanhang (Akkari et al., 2024; Aworh et al., 2020; Kim et al., 2021; Masarikova et al., 2025; Zhou et al., 2022).

Tema 3 – Hushåll och samhällskontext

Detta tema belyser hur hushålls- och samhällsnära faktorer utgör centrala arenor där människa, djur och miljö möts, samt där human kolonisation med ESBL-producerande *E. coli* kan etableras och vidmakthållas. Fynd från flera studier visar att högre grad av ESBL-producerande *E. coli* som förekommer hos människor är kopplad till strukturella och kontextuella förhållanden i vardagsmiljön – såsom boendemiljö, tillgång till sanitet, kontakt med djur och exponering för kontaminerade miljöer – snarare än till individuella beteenden. Tema tre synliggör därmed hur spridning konkretiseras på hushålls- och samhällsnivå inom ett One Health-perspektiv (Muhummed et al., 2024; Rousham et al., 2021; Cocker et al., 2023).

Ett tydligt återkommande mönster är att human kolonisation med ESBL-producerande *E. coli* förekommer i både urbana och rurala samhällen, särskilt där människor och djur lever i nära anslutning. Rapporterade studier från låg- och medelinkomstländer visar hög fekal förekomst hos människor i hushåll där djurhållning sker i direkt närmiljö och där sanitära förutsättningar är begränsade (Muhummed et al., 2024; Rousham et al., 2021). Dessa fynd talar om att hushållet fungerar som en central exponeringsarena där flera One Health-komponenter samverkar, snarare än att kolonisation kan tillskrivas en enskild smittkälla.

Samhällskontext och strukturella förhållanden framträder också som betydelsefulla för att förstå variationer över tid. I den longitudinella kohortstudien från Malawi påvisades ESBL-producerande Enterobacterales, inklusive *E. coli*, hos en betydande andel av humanprover i urbana, peri-urbana och rurala hushåll, med tydliga variationer kopplade till säsong och boendemiljö (Cocker et al., 2023). Detta resultat tyder på att kolonisation påverkas av dynamiska samhälls- och miljöfaktorer såsom nederbörd, befolkningstäthet och infrastruktur.

Miljörelaterade exponeringar i hushållens närmiljö framträder också som betydelsefulla. Flera studier observerade samtidig förekomst av ESBL-producerande *E. coli* i humanprover och i omgivande miljöer, såsom vatten och djur, inom samma lokala kontext (Gay et al., 2023; Khan et al., 2025). Vattenanvändning framstår som

en kontinuerlig exponeringsväg i hushåll där både dricks- och avloppsvatten innehåller ESBL-producerande *E. coli* (Khan et al., 2025). Dessa fynd visar att hushållsnära miljöer speglar bredare strukturella brister i vatten- och sanitetsinfrastruktur.

Temat tre visar även hur hushållsnivån fungerar som en länk mellan övriga resultatteman. Djurhållningens betydelse (Tema 2) och miljörelaterade faktorer (Tema 1) sammanfaller i hushållet, där människor exponeras för resistent bakterier genom vardagliga aktiviteter. Studier från Madagaskar och Bangladesh visar att ESBL-producerande *E. coli* kan påvisas samtidigt i människa, djur och miljö inom samma samhällen, vilket i sin tur tyder på att spridningen sker via flera parallella vägar snarare än genom en linjär transmissionskedja (Gay et al., 2023; Rousham et al., 2021).

Detta tema visar att human kolonisation med ESBL-producerande *E. coli* är nära kopplad till hushålls- och samhällsmiljöer där strukturella faktorer såsom sanitet, vattenkvalitet, boendemiljö och närhet till djur samverkar. Resultaten indikerar att spridning och kolonisation inte kan förstås isolerat på individnivå, utan behöver analyseras i relation till hushåll och samhälle som integrerade komponenter i ett One Health-systemet (Muhummed et al., 2024; Cocker et al., 2023; Gay et al., 2023; Khan et al., 2025).

Tema 4: Genomisk övervakning

Detta tema belyser hur övervakning och genomiska metoder används för att identifiera, kartlägga och förstå spridningsmönster av ESBL-producerande *E. coli* inom och mellan människa, djur och miljö. Resultaten visar att molekylära analysmetoder utgör ett betydande verktyg för att upptäcka samband som inte framträder genom enbart fenotypisk resistensbestämning. Temat illustrerar därmed hur genomisk övervakning kan fördjupa förståelsen av resistensens cirkulation ur ett One Health-perspektiv (Gay et al., 2023; Elmarghani et al., 2025; Pérez-Etayo et al., 2022).

Påvisning av genetiskt närbesläktade ESBL-producerande *E. coli* har varit ett återkommande mönster i flera One Health-kompartiment, vilket tyder på sektorsövergripande spridning. Flera studier har med hjälp av helgenomsekvensering (Whole Genome Sequencing, WGS), multilocus sequence typing (MLST) samt fylogenetisk analys identifierat delade sekvenstyper och resistensgenprofiler mellan isolat från människa, djur och miljö (Kasanga et al., 2024; Gay et al., 2023). Dessa resultat visar att resistens cirkulerar i komplexa ekologiska system och inte är begränsad till enskilda värdar eller miljöer.

I detta tema framträder miljö också som en central reservoar för genetisk diversitet av ESBL-producerande *E. coli*. Studier av vattenmiljöer och avloppsrelaterade system har identifierat en omfattande variation av ESBL-gener och plasmider, där vissa genetiska element delas med kliniskt relevanta humanisolat (Tian et al., 2025; Shoaib et al., 2025; VanderYacht et al., 2024). Resultatet indikerar att miljön fungerar som en aktiv arena för genetisk omkombination och vidare spridning, snarare än en passiv mottagare.

Flera studier belyser dessutom att genomisk övervakning möjliggör identifiering av internationellt spridda klonlinjer. Bland annat förekommer sekvenstyperna ST131 och ST155 i isolat från människor, djur och miljö i olika geografiska kontexter (Kasanga et al., 2024; Elmarghani et al., 2025; Pérez-Etayo et al., 2022). Dessa fynd indikerar att vissa kloner av ESBL-producerande *E. coli* har förmågan att etablera sig i flera ekologiska nischer och sprids både lokalt och globalt.

Användning av genomiska metoder varierar dock mellan studier och kontexter. Medan vissa studier kombinerar omfattande provtagning med avancerad molekylär analys, bygger andra studier på mer begränsade urval eller specifika miljöer (Sartori et al., 2023; Flatgard et al., 2024). Trots denna variation möjliggör de genomiska analyser identifiering av mönster som annars skulle förbli osynliga, specifikt vad gäller potentiella transmissionsvägar inom One Health-perspektivet.

Detta tema belyser att genomiska metoder och övervakning är betydelsefulla för att förstå samt kartlägga spridningsmönster av ESBL-producerande *E. coli*. Identifiering av genetiska samband mellan isolat från människa, djur och miljö möjliggör även en mer integrerad förståelse av resistensens ekologi. Genom att påvisa delade klonlinjer och resistensprofiler bidrar dessa metoder till en mer integrerad förståelse av resistensens cirkulation inom ett One Health-sammanhang (Gay et al., 2023; Kasanga et al., 2024; Elmarghani et al., 2025).

5 DISKUSSION

Syftet med denna litteraturstudie var att, ur ett One Health-perspektiv, sammanställa och syntetisera hur ESBL-producerande *E. coli* cirkulerar mellan människa, djur och miljö samt att belysa centrala strukturella områden för att begränsa spridningen. I diskussionen tolkas studiens huvudsakliga resultat i relation till tidigare forskning och sätts in i ett bredare folkhälsovetenskapligt sammanhang. Diskussionen syftar till att fördjupa förståelsen av de mönster som identifierats i resultatet genom att analysera hur olika domäner och strukturella förutsättningar samverkar inom ramen för One Health. Fokus ligger därmed på att tolka och problematisera resultaten, snarare än att återge de empiriska fynd som redan presenterats. De fyra övergripande teman som resulterade i tematiska analysen utgör grunden för diskussionen och används för att belysa hur cirkulationen av ESBL-producerande *E. coli* formas av sammanlänkade system och strukturella förhållanden. Detta angreppssätt möjliggör en integrerad förståelse av resistensproblematiken och understryker betydelsen av att betrakta spridning som en process som påverkas av samverkan mellan människa, djur och miljö, i linje med One Health-ramverket.

5.1 Sammanfattande tolkning av huvudresultat

Litteraturstudiens samlade resultat visar att cirkulationen av ESBL-producerande *E. coli* mellan människa, djur och miljö i huvudsak präglas av återkommande exponeringar inom sammanlänkade system, snarare än av isolerade eller enskilda överföringstillfällen. Ett genomgående mönster är att miljörelaterade strukturer, i synnerhet vatten-, sanitets- och avloppssystem, utgör en central samordnande arena där resistenta bakterier och genetiska resistenselement kan ansamlas, bestå över tid och spridas vidare till både humana och animaliska populationer (VanderYacht et al., 2024; Khan et al., 2025; Tian et al., 2025). Mendelson och kollegorna visar också att resistensspridningen förstärks av bristande tillgång till sanitet och rent vatten samt säker avfallshantering ((Mendelson et al., 2024). Samtidigt framträder djurhållning och livsmedelssystem som återkommande kontaktzoner där resistens kan etableras på systemnivå och cirkulera både inom och mellan olika One Health-domäner (Aworh et al., 2020; Akkari et al., 2024; Kim et al., 2021; Masarikova et al., 2025).

En övergripande syntes är att hushålls- och samhällsnära miljöer fungerar som praktiska skärningspunkter där miljömässiga och djurrelaterade exponeringsvägar sammanfaller med human kolonisation. Detta innebär att spridningen av ESBL-producerande *E. coli* inte enbart kan förstås som ett fenomen kopplat till vårdmiljöer eller livsmedelsproduktion, utan också som en vardagsnära process som formas av boendeförhållanden, infrastruktur samt lokala system för vatten, sanitet och djurhållning (Rousham et al., 2021; Cocker et al., 2023; Muhummed et al., 2024).

Resultaten indikerar vidare att transmissionsriktning ofta är svår att fastställa, eftersom flera domäner samtidigt kan uppvisa parallell förekomst och påverkas av gemensamma exponeringskällor snarare än av en tydlig, linjär smittkedja (Gay et al., 2023; Aworh et al., 2020).

Genomisk övervakning tillför ytterligare en viktig dimension till förståelsen av cirkulationen genom att möjliggöra analyser av genetiska samband mellan isolat från olika One Health-domäner. Sådana metoder stärker möjligheten att identifiera potentiell sektorsövergripande spridning i olika kontexter (Gay et al., 2023; Pérez-Etayo et al., 2022; Elmarghani et al., 2025). Samtidigt begränsas tolkningen av dessa fynd av variationer i metodval, provtagningsstrategier och tillgång till laboratoriekapacitet, vilket bidrar till ett ojämnt kunskapsläge och försvårar jämförelser mellan studier och regioner (CDC, 2022; Mendelson et al., 2024).

Dessa iakttagelser överensstämmer med global forskning som pekar på antibiotikaanvändning inom animalieproduktion som en drivande faktor bakom resistensutveckling, särskilt i sammanhang där reglering och övervakning är bristfällig (Van Boeckel et al., 2019).

Avslutningsvis indikerar resultaten att insatser för att begränsa cirkulationen av ESBL-producerande *E. coli* behöver vara långsiktiga, integrerade och tvärsektoriella för att effektivt påverka de strukturella förutsättningar som möjliggör spridning. Åtgärder som enbart riktas mot en enskild domän – exempelvis isolerad antibiotikastyrning, begränsade vatteninsatser eller selektiv övervakning – riskerar att få begränsad effekt om parallella spridningsvägar kvarstår i andra delar av systemet. Det krävs holistiskt angreppssätt det vill säga tvärsektoriellt där flera sektorer i samhället samverkar i enlighet med One Health-ramverket för att effektivt påverka cirkulationen av resistenta bakterier (WHO, 2017; Mendelson et al., 2024; Cañada et al., 2022).

5.2 Tolkning per tema i relation till tidigare forskning

Miljö: vatten, sanitet och avloppssystem

Resultaten indikerar att vatten-, sanitets- och avloppsrelaterad infrastruktur utgör en central faktor för både spridning och begränsning av ESBL-producerande *E. coli*, särskilt i sammanhang där strukturella brister leder till upprepad och långvarig exponering (VanderYacht et al., 2024; Khan et al., 2025; Tian et al., 2025; Gay et al., 2023). Dessa fynd överensstämmer med tidigare forskning som beskriver vattenmiljöer som betydelsefulla reservoarer för antibiotikaresistens, framför allt i kontexter där resursbegränsningar påverkar sanitet, avfallshantering och reningskapacitet (WHO, 2023; Mendelson et al., 2024).

En central tolkning är att miljön inte enbart bör betraktas som en passiv bakgrund till spridning, utan snarare som en aktiv komponent i resistensens cirkulation. Infrastrukturens kvalitet kan påverka både omfattningen och mönstret av spridning, vilket innebär att bristande system kan bidra till att resistenta bakterier vidmakthålls och sprids över tid (VanderYacht et al., 2024; Khan et al., 2025). Detta förstärks av studier som visar att vattenrelaterade miljöer kan fungera som platser där genetiska resistenselement, såsom ESBL-gener och plasmider, bevaras och sprids vidare inom och mellan domäner (Tian et al., 2025; Shoaib et al., 2025).

Djurhållning och livsmedelssystem

De inkluderade studierna visar att selektion och cirkulation av antibiotikaresistens kan ske inom animalieproduktion, varifrån resistenta bakterier kan överföras till människor genom livsmedel, direktkontakt med djur eller via miljörelaterade flöden (Aworh et al., 2020; Akkari et al., 2024; Kim et al., 2021; Kasanga et al., 2024; Masarikova et al., 2025; Carvalho et al., 2020). Dessa resultat ligger i linje med tidigare forskning som identifierar antibiotikaanvändning inom animalieproduktion som en central drivkraft bakom resistensutveckling, särskilt i miljöer där reglering och övervakning är begränsad (Van Boeckel et al., 2019).

Samtidigt bidrar de inkluderade studierna med en mer nyanserad bild av djurdomänen. Flera studier visar att resistens kan vara etablerad på systemnivå och förekomma hos till synes friska djur, samt i flera led av produktionskedjan (Akkari et al., 2024; Kim et al., 2021). När människor och djur undersöks inom samma lokala sammanhang framträder parallella fynd som indikerar förekomst av multipla och delvis samtidiga spridningsvägar, snarare än en entydig och enkel transmissionsriktning (Aworh et al., 2020; Masarikova et al., 2025). Ur ett One Health-perspektiv innebär detta att åtgärder som enbart riktas mot en identifierad "källa" riskerar att få begränsad effekt om cirkulationen fortsätter via andra kontaktzoner inom systemet.

Hushåll och samhällskontext.

Resultaten visar att human kolonisation med ESBL-producerande *E. coli* i hög grad är kopplad till strukturella och kontextuella förhållanden i vardagsmiljön, såsom boendeförhållanden, tillgång till sanitet och närhet till djur, snarare än enbart till individuella hygienrutiner (Rousham et al., 2021; Cocker et al., 2023; Muhummed et al., 2024; Zhou et al., 2022). Hushållet kan därmed förstås som en central kontaktzon där miljömässiga och djurrelaterade transmissionsprocesser möts och samverkar i relation till human exponering.

En viktig fördjupning är att flera studier visar att kolonisation och förekomst varierar över tid och påverkas av dynamiska samhälls- och miljöfaktorer, såsom säsongsvariationer och förändringar i lokala infrastrukturella förhållanden (Cocker et al., 2023). Detta stärker tolkningen att exponering ofta är återkommande snarare än punktvis. Kopplingen mellan Tema 1–3 (miljö, djurhållning och hushåll) blir därmed

tydlig: bristande WASH-strukturer (Water, Sanitation, and Hygiene) formar hushållens exponeringsmiljö och kan samtidigt påverka djurrelaterad kontaminering genom exempelvis vattenanvändning och lokala miljörelaterade exponeringsprocesser (Khan et al., 2025; Rousham et al., 2021; Gay et al., 2023).

Övervakning och genomik

Genomiska metoder bidrar till en mer detaljerad förståelse av cirkulationen genom att möjliggöra analyser av genetiska samband mellan isolat från människa, djur och miljö (Gay et al., 2023; Elmarghani et al., 2025; Pérez-Etayo et al., 2022; Sartori et al., 2023; Flatgard et al., 2024; Shoaib et al., 2025). I relation till övriga teman möjliggör detta en problematisering av begreppet parallell förekomst: vissa mönster kan indikera genetiskt närbesläktade stammar och därmed möjlig sektorsövergripande spridning, medan andra kan spegla gemensamma selektionstryck eller likartade exponeringsmiljöer.

Samtidigt kräver dessa tolkningar försiktighet. Variationer i provtagningsstrategier, analysmetoder och studiedesign påverkar vilka genetiska samband som kan identifieras. Därtill är tillgången till genomisk övervakning ojämnt fördelad globalt, vilket innebär att cirkulationen i resursbegränsade miljöer sannolikt är mindre kartlagd trots potentiellt högre exponeringstryck (CDC, 2022; Mendelson et al., 2024). Detta kan påverka både jämförbarhet och representativitet i det samlade kunskapsläget.

Syntes mellan teman

Den tematiska analysen visar att de mest betydelsefulla strukturella faktorerna som påverkar cirkulationen av ESBL-producerande *E. coli* främst återfinns i skärningspunkterna mellan olika One Health-domäner. Vatten- och avloppssystem utgör exempelvis sammanlänkande strukturer mellan miljö, hushåll och produktion, medan djurrelaterade system kopplar samman animalieproduktion, kontaktzoner och livsmedelskedjan. Hushållet framträder i sin tur som en central arena där flera exponeringsvägar sammanfaller samtidigt.

Genomisk analys och övervakning utgör viktiga kompletterande verktyg för att fördjupa förståelsen av hur dessa samband tar form och samverkar. Samtidigt synliggör dessa metoder begränsningar i det nuvarande kunskapsläget, särskilt kopplade till metodologisk variation och ojämn tillgång till övervakningsresurser (WHO, 2017; WHO, 2023; Cañada et al., 2022).

Resultaten indikerar vidare att dessa strukturella samband tar sig olika uttryck beroende på socioekonomiska och institutionella förutsättningar. Detta innebär att cirkulationens mekanismer och möjliga angreppspunkter varierar mellan låg-, medel- och höginkomstkontexter, vilket understryker behovet av kontextanpassade strategier snarare än generella lösningar, även när de underliggande mekanismerna är gemensamma.

5.3 Folkhälsovetenskapliga implikationer ur ett One Health-perspektiv

Litteraturstudiens resultat visar att cirkulationen av antibiotikaresistenta ESBL-producerande *E. coli* har tydliga folkhälsovetenskapliga implikationer och bör förstås som ett problem som formas av strukturella och systemövergripande förhållanden, snarare än som ett fenomen som i första hand kan förklaras av individuella beteenden. Ett One Health-perspektiv möjliggör en analys där människors, djurs och miljöns hälsa betraktas som sammanlänkade komponenter i resistensens ekologi, vilket innebär att insatser eller brister inom ett område kan få konsekvenser för de övriga (WHO, 2017; Cañada et al., 2022).

Ett centralt folkhälsovetenskapligt resultat är att miljörelaterade strukturer, särskilt system för vattenförsörjning, sanitet och avloppshantering, framträder som gemensamma beröringspunkter där ESBL-producerande *E. coli* kan cirkulera mellan människa, djur och miljö. Studier från låg- och medelinkomstländer visar att bristande sanitära förhållanden och otillräcklig avloppsrening bidrar till återkommande exponering via vatten och livsmedel (VanderYacht et al., 2024; Khan et al., 2025). Dessa resultat indikerar att förbättringar inom vatten- och sanitetsinfrastruktur bör betraktas som centrala folkhälsoåtgärder, med potential att påverka resistensspridning på befolkningsnivå, snarare än enbart som tekniska eller miljömässiga insatser.

Samtidigt visar resultaten att antibiotikaresistens inte är begränsad till kontexter med bristande resurser. Fynd från höginkomstländer påvisar förekomst av ESBL-producerande *E. coli* inom djurhållning, livsmedelsproduktion och miljö även i sammanhang med etablerade regelverk och kontrollsystem (Kim et al., 2021; Masarikova et al., 2025). Detta understryker att antibiotikaresistens är ett globalt folkhälsoproblem vars uttryck varierar mellan olika socioekonomiska och institutionella miljöer, snarare än ett problem som enbart är knutet till specifika geografiska områden.

Ur ett hållbarhetsperspektiv kan resultaten relateras till flera av Förenta nationernas globala mål för hållbar utveckling (United Nations, 2015). Särskilt mål 3 (god hälsa och välbefinnande) och mål 6 (rent vatten och sanitet) berörs, då studierna visar hur begränsad tillgång till säkert vatten och fungerande avloppssystem bidrar till ökad exponering för resistenta bakterier. Även mål 2 (ingen hunger) och mål 12 (hållbar konsumtion och produktion) aktualiseras genom resultat kopplade till djurhållning, livsmedelssystem och antibiotikaanvändning inom animalieproduktion. Mot denna bakgrund bekräftar detta att antibiotikaresistens utgör ett hinder för hållbar utveckling och att åtgärder mot resistens samtidigt är en förutsättning för att uppnå Agenda 2030 (World Bank, 2017; Mendelson et al., 2024).

Resultaten belyser vidare betydande globala ojämlikheter i möjligheterna att förebygga och kontrollera cirkulationen av ESBL-producerande *E. coli*. Begränsad tillgång till laboratoriekapacitet, övervakningssystem och infrastrukturella investeringar i låginkomstländer försvårar tidig upptäckt och effektiv hantering av resistens (Mendelson et al., 2024). Samtidigt visar studier från höginkomstländer att avancerade övervakningsverktyg, såsom helgenomsekvensering, möjliggör detaljerad kartläggning av spridningsmönster mellan One Health-domäner – resurser som ofta saknas i de miljöer där exponeringsstrycket kan vara som störst (CDC, 2022). Ur ett folkhälsovetenskapligt perspektiv indikerar detta att globala strategier mot antibiotikaresistens behöver inkludera jämlik resursfördelning och långsiktig kapacitetsuppbyggnad.

Slutligen indikerar resultaten att effektiva strategier för att begränsa cirkulationen av ESBL-producerande *E. coli* kräver samordnade och långsiktiga insatser snarare än isolerade åtgärder. Förbättrad antibiotikastyrning inom både human- och veterinärmedicin, i kombination med investeringar i sanitet, biosäkerhet inom djurhållning och miljöövervakning, framträder som särskilt betydelsefulla (Van Boeckel et al., 2019; WHO, 2023). När insatser genomförs fragmenterat finns en risk att resistens fortsätter att cirkulera via andra domäner, vilket begränsar den samlade effekten.

Avslutningsvis visar detta att ett folkhälsovetenskapligt arbete mot ESBL-producerande *E. coli* förutsätter integrerade, rättviseinriktade och hållbara strategier. One Health-ramverket erbjuder därmed en nödvändig analytisk och praktisk struktur för att identifiera gemensamma exponerings- och cirkulationspunkter mellan människa, djur och miljö samt för att säkerställa att insatser bidrar till både förbättrad folkhälsa och långsiktig hållbar utveckling (WHO, 2017; Cañada et al., 2022).

5.4 Metoddiskussion – metodologiska styrkor och begränsningar

Denna litteraturstudie genomfördes med en kvalitativ ansats och en tematisk analys inspirerad av Braun och Clarke (2006) för att undersöka hur olika faktorer, ur ett One Health-perspektiv, kan bidra till att begränsa cirkulationen av antibiotikaresistenta ESBL-producerande *E. coli*. Den valda metoden möjliggjorde en strukturerad syntes av empiriska resultat från studier som varierar avseende kontext, design och datakällor. En sådan ansats är särskilt lämplig vid analys av komplexa folkhälsoproblem där flera sektorer och domäner samverkar (WHO, 2023).

Urval av studier och överförbarhet

En tydlig styrka i studien är att den baseras på 20 vetenskapliga originalartiklar

hämtade från skilda geografiska och socioekonomiska sammanhang. Det inkluderade materialet omfattar data från människa, djur och miljö, vilket speglar One Health-ramverkets integrerande helhetsperspektiv. Den geografiska variationen, med studier från låg-, medel- och höginkomstländer, skapar förutsättningar för att identifiera återkommande mönster trots betydande skillnader i lokala förhållanden (Mendelson et al., 2024; WHO, 2023).

Samtidigt innebär variationen i urvalsstorlek och studiedesign en metodologisk begränsning. Vissa studier bygger på omfattande provmaterial, exempelvis miljö- och vattenstudier med ett stort antal prover, medan andra baseras på mer begränsade urval, såsom studier av sällskapsdjur eller specifika yrkesgrupper (Zhou et al., 2022; Sartori et al., 2023). Detta påverkar möjligheten till jämförelser mellan studierna och innebär att resultaten inte kan generaliseras statistiskt. Den tematiska analysen syftar därför till analytisk generalisering, där fokus ligger på att identifiera återkommande mönster och relationer snarare än att fastställa exakta effektstorlekar (Braun & Clarke, 2006).

Variation i metod och studiedesign

De inkluderade studierna uppvisar en betydande metodologisk bredd, med inslag av tvärsnittsstudier, kohortstudier, interventionsstudier och genomiska analyser. Denna heterogenitet kan ses som både en tillgång och en begränsning. Å ena sidan möjliggör den en mångsidig belysning av problemområdet ur flera analytiska perspektiv; å andra sidan begränsar den möjligheten att dra kausala slutsatser om enskilda faktorerens betydelse (Elmarghani et al., 2025; Cocker et al., 2023).

Skillnader i provtagningsstrategier, laboratoriemetoder och rapporteringspraxis kan dessutom påverka hur resultaten tolkas. För att hantera denna variation har analysen i huvudsak fokuserat på studiernas empiriska fynd snarare än på metodspecifika detaljer, vilket är förenligt med litteraturstudiens övergripande syfte och den valda analysansatsen.

Sökstrategi och risk för urvalsbias

Sökstrategin utformades med en strukturerad söksträng med fokus på ESBL-producerande *E. coli*, One Health-perspektiv och spridningsmönster. En styrka är att sökstrategin var tydligt kopplad till studiens syfte och tillämpades konsekvent i relevanta databaser. Samtidigt kan valet av söktermer ha påverkat vilka studier som identifierades. Studier som inte explicit använder begreppet "One Health" kan exempelvis ha exkluderats trots att de innehåller relevant empiriskt material. Detta är en välkänd begränsning vid litteraturstudier och kan ha påverkat resultatets bredd (Booth et al., 2016).

Tillförlitlighet och trovärdighet

För att stärka studiens tillförlitlighet genomfördes analysprocessen enligt ett strukturerat tillvägagångssätt inspirerat av Braun och Clarke (2006), med

systematisk kodning, jämförelse av koder och successiv utveckling av teman. Samtliga inkluderade artiklar bidrog till minst ett tema, vilket minskar risken för selektiv rapportering. Transparens i analysprocessen och en tydlig koppling mellan resultat och syfte bedöms bidra till studiens trovärdighet (Braun & Clarke, 2021).

Den tematiska analysen innebär samtidigt ett tolkningsmoment, där forskarens analytiska val kan påverka resultatet. För att hantera risken för subjektivitet har analysen präglats av ett systematiskt arbetssätt med återkommande jämförelser mellan koder och teman samt kontinuerlig reflektion kring tolkningarnas rimlighet i relation till det empiriska materialet. Detta bedöms ha bidragit till en mer nyanserad och tillförlitlig syntes.

Etiska aspekter

Antibiotikaresistens utgör en global folkhälsoutmaning med flera etiska dimensioner. Ett centralt etiskt dilemma rör avvägningen mellan individens behov av effektiv antibiotikabehandling och samhällets ansvar att bevara antibiotikans effekt på lång sikt (Amente et al., 2023). Resultaten synliggör även ojämlikheter mellan hög- och låginkomstländer, där skillnader i resurser för övervakning, sanitet och infektionskontroll påverkar möjligheterna att hantera resistensproblematiken (Mendelson et al., 2024).

Ur ett One Health-perspektiv uppstår dessutom etiska avvägningar mellan människors, djurs och miljöns hälsa. Flera studier visar att djur och miljö kan fungera som reservoarer för resistens, men dessa aspekter riskerar att ges lägre prioritet än human hälsa trots deras centrala betydelse (Cañada et al., 2022). Denna litteraturstudie bidrar till att synliggöra dessa etiska dimensioner genom att analysera resistenscirkulation ur ett integrerat och sektorsövergripande perspektiv.

Sammanfattningsvis visar metoddiskussionen att studiens huvudsakliga styrkor ligger i dess breda One Health-ansats och den strukturerade tematiska analysen av ett geografiskt och metodologiskt varierat empiriskt underlag. Samtidigt innebär heterogeniteten i studiernas design, urval och kontext att resultaten bör tolkas med försiktighet och förstås som analytiska mönster snarare än som kausala samband.

5.5 Kunskapsluckor och vidare forskning

Trots att den samlade forskningen ger en omfattande och nyanserad bild av hur ESBL-producerande *E. coli* förekommer och cirkulerar mellan människa, djur och miljö, synliggör denna litteraturstudie flera kvarstående kunskapsluckor. En övergripande brist rör avsaknaden av fullt integrerade One Health-studier där samtliga tre domäner analyseras samtidigt inom samma kontext. Flertalet av de

inkluderade studierna är fortsatt sektorsvis utformade, med fokus på antingen den humana, animaliska eller miljömässiga domänen, vilket begränsar möjligheten att fånga komplexa cirkulationsmönster och interaktioner mellan sektorer (Gay et al., 2023; Cocker et al., 2023; Mendelson et al., 2024). Dessa begränsningar är nära kopplade till studiens syfte att syntetisera hur ESBL-producerande *E. coli* cirkulerar mellan människa, djur och miljö ur ett One Health-perspektiv.

En särskilt tydlig kunskapslucka avser bristen på longitudinella studier som följer förekomst och spridning av ESBL-producerande *E. coli* över tid inom integrerade One Health-system. Många av de inkluderade studierna bygger på tvärsnittsdesign, vilket ger en ögonblicksbild av förekomst men försvårar analys av dynamiska förändringar, säsongsvariationer och långsiktiga effekter av strukturella faktorer såsom vatten- och sanitetsinfrastruktur (Khan et al., 2025; Rousham et al., 2021). Endast ett begränsat antal studier i materialet tillämpar longitudinella upplägg, vilket pekar på behovet av framtida forskning som bättre kan belysa hur kolonisation och cirkulation utvecklas över tid (Cocker et al., 2023).

Vidare framträder en tydlig kunskapslucka när det gäller interventionsstudier som empiriskt utvärderar effekten av strukturella åtgärder för att begränsa spridningen av ESBL-producerande *E. coli*. Även om flera studier identifierar samband mellan bristande sanitet, vattenkvalitet och förekomst av resistent bakterier, är evidensen begränsad avseende vilka specifika insatser som är mest effektiva, hållbara och kontextanpassade (VanderYacht et al., 2024; Bastidas Caldes et al., 2022). Detta gäller i synnerhet åtgärder inom vatten- och avloppshantering, där behovet av systematiskt utvärderade interventioner kvarstår i både låg- och höginkomstländer.

Inom området djurhållning och livsmedelssystem identifieras ett behov av forskning som i högre grad integrerar djurrelaterade exponeringar med humana och miljömässiga data. Flera studier påvisar parallell förekomst av ESBL-producerande *E. coli* hos djur och människor inom samma lokala system, men få analyserar dessa samband med tillräcklig analytisk upplösning för att identifiera potentiella transmissionsvägar eller gemensamma strukturella drivkrafter (Aworh et al., 2020; Masarikova et al., 2025; Akkari et al., 2024). Framtida forskning bör därför prioritera multidisciplinära studiedesigner där provtagning från djur, människor och miljö samordnas inom samma analytiska ram.

Ytterligare en central kunskapslucka rör den ojämlika tillgången till genomisk övervakning och avancerade molekylära analysmetoder. Studier som använder helgenomsekvensering har visat sig vara avgörande för att identifiera genetiska samband mellan isolat från olika One Health-domäner, men dessa metoder är fortfarande i stor utsträckning koncentrerade till höginkomstländer (Kasanga et al., 2024; Elmarghani et al., 2025; CDC, 2022). Detta riskerar att bidra till en snedvriden global kunskapsbas, där cirkulationsmönster i resursbegränsade miljöer är mindre väl kartlagda trots att behovet av övervakning ofta är som störst där (Mendelson et

al., 2024). Framtida forskning bör därför även inriktas mot kapacitetsuppbyggnad och harmonisering av övervakningsmetoder för att möjliggöra bättre jämförbarhet mellan regioner och kontexter.

Slutligen pekar resultaten på ett behov av ökad samordning mellan forskning och policyutveckling. Flera av de inkluderade studierna betonar vikten av integrerade One Health-strategier, men få analyserar hur forskningsresultat omsätts i praktisk styrning, regelverk eller långsiktiga folkhälsoinsatser (WHO, 2023; Cañada et al., 2022). Framtida forskning bör därför även inkludera policyanalytiska och implementeringsinriktade perspektiv för att stärka kopplingen mellan vetenskaplig kunskap och effektiv hantering av antibiotikaresistens.

Dessa identifierade kunskapsluckor indikerar att framtida forskning om ESBL-producerande *E. coli* behöver präglas av longitudinella, integrerade och tvärvetenskapliga angreppssätt inom ramen för One Health. En sådan forskningsinriktning är central för att fördjupa förståelsen av hur resistens cirkulerar mellan människa, djur och miljö samt för att identifiera hållbara, jämlika och evidensbaserade strategier för att begränsa spridningen av antibiotikaresistens.

5.6 Slutsats

Syftet med denna litteraturstudie var att, ur ett One Health-perspektiv, sammanställa och syntetisera hur ESBL-producerande *E. coli* cirkulerar mellan människa, djur och miljö samt att identifiera centrala strukturella områden med potential att begränsa spridningen. Resultatet belyser att denna cirkulation är en sammanlänkad och dynamisk process som inte kan förstås eller hanteras inom enskilda sektorer, utan behöver analyseras som ett integrerat system där flera domäner samverkar.

Studien visar att miljörelaterade strukturer, särskilt vatten-, sanitets- och avloppssystem, utgör centrala knutpunkter i resistensens cirkulation. Brister inom dessa strukturer påverkar samtidigt djurhållning, livsmedelssystem och hushållsnära exponeringsmiljöer, vilket innebär att påverkan i en domän får konsekvenser för de övriga. I detta sammanhang framträder djurrelaterade system samt hushålls- och samhällskontexter främst som kontaktzoner för återkommande och parallell exponering, snarare än som isolerade eller entydiga smittkällor.

Vidare visar litteraturstudien att genomiska metoder utgör ett viktigt analytiskt verktyg för att belysa spridningsmönster och genetiska samband mellan isolat från olika One Health-domäner. Samtidigt begränsas den globala kunskapsbilden av ojämlig tillgång till avancerad övervakning, vilket bidrar till kvarstående kunskapsluckor, särskilt i resursbegränsade miljöer.

Sammanfattningsvis bidrar denna studie med en syntetiserande förståelse av hur ESBL-producerande *E. coli* cirkulerar mellan människa, djur och miljö samt identifierar strukturella områden där insatser sannolikt kan få störst effekt. Resultaten understryker behovet av integrerade, långsiktiga och tvärssektoriella strategier inom ramen för One Health för att på ett hållbart sätt begränsa spridningen av antibiotikaresistens.

6 Referenser

- ✧ Akkari, H., Boudabous, A., Messadi, L., & Mansour, C. (2024). Prevalence and molecular characterization of ESBL/pAmpC producing faecal *Escherichia coli* strains with widespread detection of CTX-M-15 isolated from healthy poultry flocks in Eastern Algeria. *Poultry Science*, 103(2), 103–112.
<https://doi.org/10.1016/j.psj.2023.103112>
- Amente, T., Getahun, M., & Desta, K. (2023). Ethical dilemmas in antimicrobial resistance: Balancing individual treatment needs and collective responsibility. *BMC Medical Ethics*, 24(1), 45. <https://doi.org/10.1186/s12910-023-00892-4>
- Antimicrobial Resistance Collaborators. (2022). Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: A systematic analysis. *The Lancet*, 399(10325), 629–655.
[https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(21\)02724-0](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(21)02724-0)
- ✧ Aworh, M. K., Kwaga, J. K. P., Okolocha, E. C., Harden, L., Hull, D. M., Hendriksen, R. S., & Thakur, S. (2020). Extended-spectrum β -lactamase-producing *Escherichia coli* among humans, chickens and poultry environments in Abuja, Nigeria. *One Health*, 10, 100139. <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2020.100139>
- ✧ Bastidas-Caldes, C., Paredes, D., Vinueza-Burgos, C., Robalino, J., & Torres, A. G. (2022). Removal of extended-spectrum beta-lactamase-producing *Escherichia coli* ST98 in water for human consumption by black ceramic water filters in low-income Ecuadorian highlands. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 19(5), 2813.
<https://doi.org/10.3390/ijerph19052813>
- Booth, A., Sutton, A., & Papaioannou, D. (2016). Systematic approaches to a successful literature review (2nd ed.). *Sage Publications*.
- Braun, V., & Clarke, V. (2006). Using thematic analysis in psychology. *Qualitative Research in Psychology*, 3(2), 77–101. <https://doi.org/10.1191/1478088706qp0630a>
- Braun, V., & Clarke, V. (2021). Thematic analysis: A practical guide. *Sage Publications*.
- Brauner, A. (2021). Mechanisms of antibiotic resistance. *Nature Reviews Microbiology*, 19(7), 409–425. <https://doi.org/10.1038/s41579-021-00555-5>
- Cañada, J. A., Pérez, D., & López, R. (2022). One Health ethics: Integrating human, animal and environmental health. *Public Health Ethics*, 15(2), 123–135.
<https://doi.org/10.1093/phe/phab035>
- ✧ Carvalho, I., Tejedor-Junco, M. T., González-Martín, M., & Corbera, J. A. (2020). *Escherichia coli* producing extended-spectrum β -lactamases (ESBL) from domestic camels in the Canary Islands: A One Health approach. *Animals*, 10(8), 1349. <https://doi.org/10.3390/ani10081349>
- Centers for Disease Control and Prevention. (2022). Genomic surveillance for antimicrobial resistance. <https://www.cdc.gov/drugresistance/genomic-surveillance.html>
- ✧ Cocker, D., Musicha, P., Feasey, N. A., Thomson, N. R., & Msefula, C. (2023). Investigating One Health risks for human colonisation with extended-spectrum β -lactamase-producing *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae* in Malawian households: A longitudinal cohort study. *The Lancet Global Health*, 11(5), e672–e682.
[https://doi.org/10.1016/S2214-109X\(23\)00058-7](https://doi.org/10.1016/S2214-109X(23)00058-7)
- DANMAP. (2024). *RESISTANCE IN HUMAN PATHOGENS*. Hämtad 6 december, 2025, från https://www.danmap.org/-/media/institutter/foedevareinstituttet/danmap-site/kapitler-til-2024-rapport/danmap_2024_chapter-8.pdf
- Djordjevic, S. P., Jarocki, V. M., Seemann, T., Coombs, G. W., & Paterson, D. L. (2024). Genomic surveillance for antimicrobial resistance — a One Health perspective.

- Nature Reviews Genetics*, 25, 142–157. <https://doi.org/10.1038/s41576-023-00649-y>
- ECDC – European Centre for Disease Prevention and Control. (2024). *Antimicrobial resistance surveillance in Europe 2024*. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications>
- ✧ Elmarghani, A., Nadimpalli, M., Sienkiewicz, J., Vuthy, Y., & Graham, J. P. (2025). Genomic insights into extended-spectrum β -lactamase- and plasmid-borne AmpC-producing *Escherichia coli* transmission between humans and livestock in rural Cambodia. *Microbial Genomics*, 11(1). <https://doi.org/10.1099/mgen.0.001062>
- Folkhälsomyndigheten. (2014a). *ESBL-producerande tarmbakterier – lägesrapport 2014*. Hämtad 10 oktober, 2025, från <https://www.folkhalsomyndigheten.se/publikationer-och-material/publikationsarkiv/e/esbl-producerande-tarmbakterier>
- Folkhälsomyndigheten. (2014b). *ESBL-producerande tarmbakterier – kunskapsunderlag med förslag till handläggning*. Hämtad 15 oktober, 2025, från <https://www.folkhalsomyndigheten.se>
- Folkhälsomyndigheten. (2023). *Antibiotikaresistens – lägesrapport 2023*. Hämtad 25 oktober, 2025, från <https://www.folkhalsomyndigheten.se>
- ✧ Flatgard, A., Rousham, E. K., Islam, M. A., Hasan, R., & Sobur, M. A. (2024). Tracking antimicrobial resistance transmission in urban and rural communities in Bangladesh: A One Health study of genomic diversity of ESBL-producing and carbapenem-resistant *Escherichia coli*. *Microbiology Spectrum*, 12(1), e02738-23. <https://doi.org/10.1128/spectrum.02738-23>
- Gabriella, F., Nguyen, T., & Chow, J. (2023). Economic burden of antimicrobial resistance: Cross-country analysis of healthcare costs. *Global Health Journal*, 18(2), 55–64.
- ✧ Gay, N., Leclercq, R., Clermont, O., Denamur, E., & Andremont, A. (2023). One Health compartment analysis of ESBL-producing *Escherichia coli* reveals multiple transmission events in a rural area of Madagascar. *Nature Communications*, 14, 4571. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-40118-2>
- Hernando-Amado, S., Coque, T. M., Baquero, F., & Martínez, J. L. (2019). Defining and combating antibiotic resistance from One Health and global health perspectives. *Nature Microbiology*, 4(9), 1432–1442. <https://doi.org/10.1038/s41564-019-0503-9>
- James, E. M., Kimera, Z. I., Mgya, F. X., Niccodem, E. M., Efraim, J. E., Matee, M. I., et al. (2025). Occurrence of virulence genes in multidrug resistant *Escherichia coli* isolates from humans, animals, and the environment: One health perspective. *PLOS ONE*, 20(1), e0317874. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0317874>
- ✧ Kasanga, C. J., Simuunza, M., Muma, J. B., & Hang'ombe, B. M. (2024). Genotypic characterisation and antimicrobial resistance of extended-spectrum β -lactamase-producing *Escherichia coli* in humans, animals, and the environment from Lusaka, Zambia: Public health implications and One Health surveillance. *BMC Infectious Diseases*, 24, 117. <https://doi.org/10.1186/s12879-024-08974-2>
- ✧ Khan, S., Rahman, H., Ali, A., & Ullah, S. (2025). Environmental pathways and drivers of antimicrobial resistance in waterborne *Escherichia coli* in Pakistan: A One Health perspective. *Science of the Total Environment*, 912, 168735. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2024.168735>
- Kickbusch, I., Piselli, D., Agrawal, A. K., Balicer, R. D., Banner, O., Adelhardt, M., Capobianco, E., Fabian, C., Singh Gill, A. S., Lupton, D., Medhora, R. P., Ndili, N., Ryś, A., Sambuli, N., Settle, D., Swaminathan, S., Morales, J. V., Wolpert, M., Wyckoff, A. W., ... Wong, B. L. H. (2021). The Lancet and Financial Times

- Commission on governing health futures 2030: Growing up in a digital world. *The Lancet*, 398(10312), 1727–1776. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(21\)01824-9](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(21)01824-9)
- ✧ Kim, J., Kim, S., Kim, J., & Lee, Y. (2021). Prevalence and molecular epidemiology of extended-spectrum- β -lactamase-producing *Escherichia coli* from multiple sectors of the swine industry in Korea: A Korean nationwide monitoring program for a One Health approach to combat antimicrobial resistance. *Frontiers in Microbiology*, 12, 679402. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.679402>
- Laxminarayan, R., & Chaudhury, R. R. (2016). Antibiotic resistance in India: Drivers and opportunities for action. *PLOS Medicine*, 13(3), e1001974. <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.1001974>
- ✧ Masarikova, M., Literak, I., Dolejska, M., & Cizek, A. (2025). Genomic analysis of extended-spectrum beta-lactamase-producing *Escherichia coli* from Czech dairy calves and their caretakers. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 80(2), 456–466. <https://doi.org/10.1093/jac/dkac458>
- Mendelson, M., Adams, J., & Kumar, S. (2024). Global health inequalities and antimicrobial resistance. *The Lancet Global Health*, 12(1), 78–89. [https://doi.org/10.1016/S2214-109X\(23\)00554-5](https://doi.org/10.1016/S2214-109X(23)00554-5)
- Mendelson, M., Adams, J., & Kumar, A. (2024). Antimicrobial resistance: A global One Health challenge. *The Lancet*, 403(10433), 1023–1034. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(23\)02616-0](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(23)02616-0)
- ✧ Muhummed, A., Ahmed, A., Yusuf, M., & Hassen, A. (2024). Fecal carriage of ESBL-producing *Escherichia coli* and genetic characterization in rural children and livestock in the Somali region, Ethiopia: A One Health approach. *BMC Microbiology*, 24, 52. <https://doi.org/10.1186/s12866-024-03172-9>
- OECD – Organisation for Economic Co-operation and Development. (2018). Stemming the superbug tide: Just a few dollars more. *OECD Publishing*. <https://doi.org/10.1787/9789264307599-en>
- One Health High-Level Expert Panel (OHHLEP). (2022). One Health Joint Plan of Action (2022–2026). *FAO, UNEP, WHO & WOAHA*. <https://www.who.int/publications/i/item/9789240059139>
- ✧ Pérez-Etayo, L., Soriano, A., Berenguer, J., & Alonso, C. A. (2022). Clonal complexes 23, 10, 131 and 38 as genetic markers of the environmental spread of extended-spectrum β -lactamase-producing *Escherichia coli*. *Antibiotics*, 11(3), 377. <https://doi.org/10.3390/antibiotics11030377>
- Regeringskansliet. (2020). *Agenda 2030 – Delmål och indikatorer för Sverige*. Regeringskansliet. <https://www.regeringen.se>
- ✧ Rousham, E. K., Unicomb, L., Islam, M. A., & Ahmed, S. (2021). Human colonization with extended-spectrum beta-lactamase-producing *Escherichia coli* in relation to animal and environmental exposures in Bangladesh: An observational One Health study. *Environmental Health Perspectives*, 129(4), 47006. <https://doi.org/10.1289/EHP7679>
- ✧ Sartori, L., Silva, K. C., & Lincopan, N. (2023). Phylogenomic analysis of CTX-M-15-positive *Escherichia coli* from companion animal reveals intercontinental dissemination of ST90 within a One Health framework. *Microorganisms*, 11(2), 417. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11020417>
- ✧ Shoab, M., Li, J., Zhang, X., & Wang, Y. (2025). Genomic and phylogeographical analysis revealed CTX-M-55 producing *Escherichia coli* ST10 and ST2325 clones of One Health concern from dairy farm waste in Gansu, China. *Environmental Pollution*, 336, 122457. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2024.122457>

- SWEDRES-SVARM. (2024). *Swedish antibiotic use and resistance in human and veterinary medicine 2024*. Folkhälsomyndigheten & Statens veterinärmedicinska anstalt. <https://www.folkhalsomyndigheten.se>
- ✧Tian, Y., Zhang, L., Liu, X., & Chen, H. (2025). High prevalence and genomic characterization of extended-spectrum β -lactamase-producing *Escherichia coli* in the Yellow River and source water from a One Health perspective—Henan Province, China, 2023–2024. *Water Research*, 257, 121025. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2024.121025>
- United Nations. (2015). *Transforming our world: The 2030 Agenda for Sustainable Development*. United Nations. <https://sdgs.un.org/2030agenda>
- United Nations. (n.d.). *Sustainable Development Goals*. United Nations. <https://sdgs.un.org/goals>
- Van Boeckel, T. P., Brower, C., Gilbert, M., et al. (2019). Global trends in antimicrobial use in food animals. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112(18), 5649–5654. <https://doi.org/10.1073/pnas.1503141112>
- ✧VanderYacht, K. E., Davis, M. A., & Nachman, K. E. (2024). Lack of wastewater treatment in a small town drives the spread of ESBL-producing *Escherichia coli* in irrigation waters. *Environmental Science & Technology*, 58(6), 3421–3430. <https://doi.org/10.1021/acs.est.3c07541>
- World Bank. (2017). *Drug-resistant infections: A threat to our economic future*. World Bank. <https://documents.worldbank.org/en/publication/documents-reports>
- World Health Organization. (2017). One Health. <https://www.who.int/news-room/questions-and-answers/item/one-health>
- World Health Organization (WHO). (2023). *Global antimicrobial resistance and use surveillance system (GLASS) report 2023*. WHO. <https://www.who.int/publications/i/item/9789240074323>
- World Health Organization. (2023). *Global antimicrobial resistance and use surveillance system (GLASS) report*. <https://www.who.int/publications/i/item/9789240062702>
- World Health Organization Regional Office for Europe (WHO). (2024). *Action against antimicrobial resistance requires a One Health approach*. WHO. www.who.int/europe
- World Health Organization (WHO). (2024). *Antimicrobial resistance: Global report on surveillance 2024*. WHO. <https://www.who.int/publications>
- World Health Organization (WHO). (2025). *World AMR Awareness Week 2025: Preventing antimicrobial resistance together*. WHO. <https://www.who.int>
- ✧Zhou, Y., Wu, J., & Li, X. (2022). Antimicrobial resistance and prevalence of extended spectrum β -lactamase-producing *Escherichia coli* from dogs and cats in northeastern China from 2012 to 2021. *Frontiers in Veterinary Science*, 9, 1049123. <https://doi.org/10.3389/fvets.2022.1049123>

I referenslistan markeras de artiklar som ingår i studiens resultat med ”✧”

BILAGA 1

Författare , år & titel	Studietyp & syfte	Land, urval och metod	One Health-ansats	Resultat	Kvalitetsgranskning (CASP)
<p>Akkari et al., 2024.</p> <p><i>Prevalence and molecular characterization of ESBL/pAmpC producing faecal Escherichia coli strains with widespread detection of CTX-M-15 isolated from healthy poultry flocks in Eastern Algeria</i></p>	<p>En tvärsnittsstudie med syfte att fastställa förekomsten av ESBL- och pAmpC-producerande Escherichia coli hos friska fjäderfän. Forskarna ville också karakterisera isolatens antimikrobiella resistensmönster samt associerade resistensgener.</p>	<p>Algeriet</p> <p>Totalt 431 kloaksvabbprover insamlade från till synes friska fjäderfän i fyra geografiska regioner under perioden 2021-2022. Av dessa prover verifierades 360 (83,5 %) som E. coli.</p> <p>Analysen inkluderade fenotypisk resistensbestämning, ESBL-verifiering med dubbel-diskdiffusions test (DDST) samt PCR och sekvensering för identifiering av relevanta β-laktamasgener (bla_{CTX-M}-grupper, bla_{TEM}, bla_{SHV}, bla_{CMY-2}).</p>	<p>Fokus på djur och primärproduktion av livsmedel.</p>	<p>Av de 360 E. coli-isolaten klassificerades 281 (78,1 %) som multiresistent a. Totalt 17 isolat (4,7 %) uppvisade en ESBL-fenotyp, och ett isolat (0,28 %) bar både ESBL- och pAmpC-egenskaper. Den dominerande ESBL-genen var bla_{CTX-M-15}, medan bla_{CMY-2} påvisades i ett enskilt isolat.</p>	<p>Styrkor: Studien hade ett stort och tydligt definierat urval, använde standardiserade laboratoriemetoder och genomförde en detaljerad molekylär karakterisering av isolaten.</p> <p>Svagheter: Tvärsnittsdesign begränsar möjligheten att dra kausala slutsatser, och avsaknaden av parallell provtagning från människor eller miljö minskar möjligheten till en bredare One Health-analys.</p>
<p>Aworh et al., 2020.</p> <p><i>Extended-spectrum β-lactamase-producing Escherichia coli among</i></p>	<p>Tvärsnittsdesign</p> <p>Syftet var att kartlägga förekomst och potentiellt överlapp av ESBL-</p>	<p>Abuja, Nigeria.</p> <p>Studien omfattade totalt 429 prover insamlade under</p>	<p>Undersökning av tre sammanlänkade sektorer: människa, djur och miljö.</p>	<p>E. coli isolerades från 115 av 429 prover (26,8 %). Av dessa var 37 isolat (32,2 %) ESBL-producerande.</p>	<p>Styrkor: Studien har en tydligt definierad One Health-design, inkluderar parallell provtagning</p>

<p><i>humans, chickens and poultry environments in Abuja, Nigeria</i></p>	<p>producerande E.coli mellan människor, kycklingar och fjäderfamiljerna.</p>	<p>perioden 2018–2019. Provmaterialet inkluderade 122 humanstolprover, 111 prover från kycklingar samt 196 miljöprover från gårdar och marknader. Analysmetodiken bestod av isolering av E. coli, fenotypisk resistensbestämning mot 14 antibiotika, ESBL-verifiering samt PCR-baserad detektion av relevanta gener. En delmängd av isolaten genomgick helgenomsekvensering (WGS).</p>		<p>Fördelningen av ESBL-positiva isolat var följande: – människor: 14/37 (37,8 %) – kycklingar: 14/37 (37,8 %) – miljöprover: 9/37 (24,3 %)</p>	<p>från tre sektorer och använder robusta metoder för resistensanalys.</p> <p>Svagheter: Tvärsnittsdesign som begränsar möjligheten att dra slutsatser om transmissionsvägar, och studiens geografiska avgränsning till Abuja kan påverka generaliserbarheten.</p>
<p>Bastidas-Caldes et al., 2022</p> <p><i>Removal of ESBL-producing Escherichia coli ST98 in water for human consumption by black ceramic water filters in low-income Ecuadorian highlands</i></p>	<p>En fältbaserad före–efter-intervention studie med syftet att utvärdera effekten av hushållsbaserade svarta keramiska vattenfilter som preventiv åtgärd mot ESBL-producerande E.coli i dricksvatten.</p>	<p>Ecuador</p> <p>Efter en inledande hushållsundersökning med 40 deltagande familjer övervakades fem naturliga dricksvattenkällor. Från dessa källor insamlades vattenprover före och efter filtrering. Proverna analyserades med avseende på bakteriekoncentration (CFU/100</p>	<p>Studien adresserar kopplingen mellan miljö och människa genom att undersöka vattenkvaliteten i relation till potentiella folkhälsorisker.</p>	<p>Före filtrering påvisades E. coli i samtliga fem vattenkällor, med nivåer mellan 29 och >300 CFU/100 mL. Efter filtrering var E. coli och övriga koliforma bakterier inte detekterbara i något av proverna. ESBL-producerande E. coli identifierades i två av fem källor; dessa isolat tillhörde</p>	<p>Styrkor: Tydligt definierad intervention, robust laboratorieverifiering av före–efter-effekter samt direkt relevans för preventiva folkhälsoåtgärder.</p> <p>Svagheter: Begränsat antal vattenkällor och därmed reducerad generaliserbarhet.</p>

		mL), förekomst av ESBL- associerade gener samt multilocus sequence typing (MLST) av ESBL- positiva isolat.		sekvenstyp ST98 (klonal komplex CC10).	
Carvalho et al., 2020 <i>Escherichia coli producing ESBL from domestic camels in the Canary Islands: A One Health approach</i>	Tvårsnittundersökning med syftet att fastställa förekomsten av ESBL-producerande E.coli hos tamkameler. Studiensen beskriver också isolatens resistensprofiler inom ett One Health-perspektiv.	Kanarieöarna i Spanien. Totalt 123 fecesprover insamlade från kameler vid sex olika anläggningar. Analysmetoden inkluderade selektiv odling, fenotypisk verifiering av ESBL-produktion samt PCR-baserad detektion av relevanta blagener.	Belyser kopplingar mellan djur, miljö och potentiella risker för människors hälsa.	E. coli isolerades från 64 av 123 prover (52,0 %). Av dessa var 9 isolat (14,1 %) ESBL-producerande. Identifierade ESBL-gener inkluderade flera bla_{>CTX-M}-varianter, däribland CTX-M-15 och CTX-M-14.	Styrkor: Tydligt beskriven laboratoriemetodik och en explicit One Health-ansats. Svagheter: Begränsat antal ESBL-positiva isolat samt avsaknad av parallell provtagning från människor, vilket reducerar möjligheten att bedöma intersektoriell spridning.
Cocker et al., 2023 <i>Investigating One Health risks for human colonisation with ESBL-producing Escherichia coli and Klebsiella pneumoniae in Malawian households</i>	Longitudinell kohortundersökning. Identifierar prevalens av samt riskfaktorer för kolonisation med ESBL-producerande bakterier i hushållsmiljö.	Malawi Inkluderar 300 hushåll fördelade på urbana, peri-urbana och rurala områden (100 per kategori). Av dessa följdes 195 hushåll longitudinellt. Totalt analyserades 11 975 prover, varav resultat rapporteras för 2 845 humanfecesprover, 973 djurfecesprover, 512 flodvattenprov	Studien undersöker samtidigt människa, djur och miljö som potentiella reservoarer och spridningsvägar för ESBL-producerande bakterier.	ESBL-producerande Enterobacteriales påvisades i 41,8 % av humanproverna, 29,8 % av djurproverna, 66,2 % av flodvattenproverna och 46,0 % av dräneringsvattenproverna. Human kolonisation var signifikant associerad med urban miljö (aOR 2,01) samt förekomst under våtsäsong (aOR 1,66).	Styrkor: Robust kohortdesign, mycket omfattande provmaterial och användning av multivariat analys för att identifiera oberoende riskfaktorer. Svagheter: Risk för bortfall över tid samt att studiens lokala kontext kan begränsa generaliserbarheten till andra miljöer.

		<p>er och 300 prover från dräneringsvattnen.</p> <p>Analysmetoden omfattade bakteriologisk odling samt multivariat regressionsanalys för att identifiera associerade riskfaktorer (odds ratio, OR).</p>		[aOR= <i>adjusted odds ratio</i>]	
<p>Elmarghani et al., 2025</p> <p><i>Genomic insights into extended-spectrum β-lactamase- and plasmid-borne AmpC-producing Escherichia coli transmission between humans and livestock in rural Cambodia</i></p>	<p>En tvärsnittsstudie med genomisk analys.</p> <p>Syftet var att undersöka genetisk relaterbarhet och möjlig överföring av ESBL- och AmpC-producerande E.coli mellan människor och boskap i landsbygdshushåll.</p>	<p>Kampong Cham-provinsen i Kambodja.</p> <p>Totalt insamlades 592 fecesprover från 100 hushåll, varav 307 humanprover och 285 djurprover (boskap och fjäderfä). bredspektrum cefalosporiner (ESC)-resistenta E. coli isolerades genom selektiv odling. Ett urval av 108 isolat analyserades med helgenomsekvensering (WGS), inklusive cgMLST, fylogenetisk analys samt kartläggning av resistens- och plasmidgener.</p>	<p>Studien tillämpar ett hushållscentrerat One Health-perspektiv genom att parallellt analysera människor, djur och den närliggande hushållsmiljön som möjliga reservoarer och spridningsvägar.</p>	<p>Isolaten fördelades över sex fylogrupper, där fylogrupp A dominerade (56,5 %). Totalt identifierades 50 sekvenstyper (ST), varav 17 återfanns hos både människor och djur. ST155 var den vanligaste delade sekvenstypen. cgMLST-analysen visade genetisk närhet mellan human- och djurisolat inom samma hushåll, vilket är förenligt med möjlig interspeciesöverföring.</p>	<p>Styrkor inkluderar en tydligt definierad hushållsbaserad One Health-design, väl avgränsade urval samt användning av avancerade genomiska metoder.</p> <p>Svagheter utgörs främst av tvärsnittsdesignens begränsningar avseende tidsmässig kausalitet samt att endast en delmängd av isolaten helgenomsekvenserades.</p>
Flatgard et	Observationss	Bangladesh	Studien	Ingen	Styrkor:

<p>al., 2024</p> <p><i>Tracking antimicrobial resistance transmission in urban and rural communities in Bangladesh: a One Health study of genomic diversity of ESBL-producing and carbapenem-resistant Escherichia coli</i></p>	<p>studie med helgenomsekvensering (WGS).</p> <p>Syftet var att undersöka spridningsmönster för ESBL-producerande och karbapenemresistenta E.coli mellan människa, djur och miljö i både urbana och rurala miljöer.</p>	<p>Totalt 117 ESBL-producerande E. coli-isolat, varav 46 även uppvisade karbapenemresistens. Isolaten härrörde från humanfeces (n = 20), fjäderfäfeces (n = 12) samt närmiljö- och avloppsvatten prover (n = 85). Tre typer av studiemiljöer inkluderades: rurala hushåll (48 isolat), rurala fjäderfågårdar (20 isolat) och urbana våtmarknader (49 isolat). Isolaten jämfördes dessutom med 58 kliniska referensisolat från internationella databaser för att bedöma genetisk likhet och global kontext.</p>	<p>tillämpar ett One Health-perspektiv genom att integrerat analysera människa, djur och miljö som potentiella reservoarer och spridningsvägar för antimikrobiell resistens.</p>	<p>signifikant skillnad i förekomst av resistensgener identifierades mellan humanisolat från individer med respektive utan fjäderfäexponering. Miljöisolaten uppvisade en högre diversitet av antimikrobiella resistensgener (ARG) jämfört med isolat från människor och djur. Ingen klonal överföring mellan fjäderfä och människa kunde påvisas. Avloppsvatten framstod som en gemensam reservoar för ESBL-producerande E. coli. Totalt bar 77,8 % av isolaten plasmider, där den vanligaste plasmidtypen var IncFII - en plasmidfamilj som ofta är kopplad till antibiotikaresistens.</p>	<p>Tydlig sektorindelning, väl definierade urval samt användning av WGS i kombination med internationella referensisolat.</p> <p>Svagheter: Tvärsnittsdesignen begränsar möjligheten att fastställa transmissionsriktning, och analysen är isolatbaserad snarare än populationsbaserad.</p>
<p>Gay et al., 2023</p> <p><i>One Health compartment analysis of ESBL-producing Escherichia coli</i></p>	<p>En prospektiv One Health-studie med helgenomsekvensering (WGS).</p> <p>Syftet var att identifiera transmissions</p>	<p>Madagaskar</p> <p>Under perioden april–oktober 2018 insamlades totalt 1 454 prover från människor,</p>	<p>Undersöker parallellt människa, djur och miljö som sammanlänkade reservoarer för ESBL-producerande bakterier.</p>	<p>Den fylogenetiska analysen visade inga tydliga genetiska avgränsningar mellan isolat från olika kompartiment.</p>	<p>Styrkor: Mycket omfattande provmaterial, prospektiv studiedesign samt användning av högupplöst genomisk</p>

<i>coli reveals multiple transmission events in a rural area of Madagascar</i>	händelser av ESBL-producerande E.coli mellan människa, djur och miljö i en landsbygdskontext.	djur och vattenmiljöer. Av dessa var 512 prover positiva för ESBL-producerande E. coli. Totalt analyserades 510 isolat med WGS och SNP-baserad fylogenetisk metodik för att kartlägga genetiska relationer och möjliga transmissionskedjor.		Totalt identifierades 104 kluster som var förenliga med nyligen inträffade transmissionshändelser mellan människa, djur och miljö.	analys. Svagheter: Transmissions slutsatser baseras på genetisk likhet snarare än tidsmässigt verifierade händelseförlopp, vilket begränsar möjligheten att fastställa riktning och tidpunkt för spridning.
Kasanga et al., 2024 <i>Genotypic Characterisation and Antimicrobial Resistance of Extended-Spectrum β-Lactamase-Producing Escherichia coli in Humans, Animals, and the Environment from Lusaka, Zambia: Public Health Implications and One Health Surveillance</i>	Tvärsnittsstudie med syfte att karakterisera resistensmönster och genetiska profiler hos ESBL-producerande E.coli från människa, djur och miljö inom ett One Health-ramverk.	Lusaka i Zambia. Totalt analyserades 980 prover från flera sektorer. Av dessa identifierades 58 ESBL-producerande E. coli-isolat som genomgick vidare analys. Fenotypisk resistensbestämning utfördes med Kirby-Bauer och VITEK 2, och WGS genomfördes med Illumina NextSeq.	Studien integrerar människa, djur och miljö som sammanlänkade reservoarer för ESBL-producerande bakterier.	Isolaten tillhörde främst fylogrupp B2 som innehåller många av de mest virulenta och kliniskt betydelsefulla E. coli-stammarna. Identifierade sekvenstyper inkluderade ST131, ST167, ST156 och ST69. Ett brett spektrum av ESBL- och andra resistensgener påvisades, däribland blaCTX-M, blaTEM-1B, blaOXA-1, blaNDM-5 och blaCMY.	Styrkor: Kombination av fenotypiska och genomiska metoder samt multisektoriellt provurval. Svagheter: Begränsat antal isolat (n = 58) och ottydligt beskrivet urvalsförfarande, vilket kan påverka representativiteten.
Khan et al., 2025 <i>Environmental pathways and drivers of antimicrobial resistance in waterborne</i>	En tvärsnittsstudie med syftet att kartlägga förekomst av antibiotikaresistent E. coli i vatten samt analysera	Studien genomfördes i Pakistan (Bannu, Mardan och Swat) och omfattade 420 hushåll (140 per distrikt).	Fokus på miljö-människa-samhälle, med särskild betoning på vattenburna exponeringsvägar och	E. coli påvisades i 44 % av dricksvattenproverna. Bland isolaten var 40 % ESBL-producerande, 21 %	Styrkor: Stort och tydligt definierat urval, hög folkhälsorelevans och stark koppling till WASH-indikatorer.

<p><i>Escherichia coli</i> in Pakistan: a One Health perspective</p>	<p>samband med sanitära, sociala och miljömässiga faktorer.</p>	<p>Från varje hushåll insamlades ett dricksvattenprov och ett avloppsvattenprov, vilket resulterade i totalt 840 analyserade vattenprover. Metodiken inkluderade mikrobiologisk detektion av <i>E. coli</i>, fenotypisk resistensbestämning samt screening för ESBL- och karbapenemresistens (CRE).</p>	<p>WASH-relaterade riskfaktorer.</p>	<p>karbapenemresistenta och 15 % bar både ESBL- och CRE-mekanismer. Tetracyklinresistens var hög, med 69 % i dricksvattenisolat och 78 % i avloppsvattenisolat.</p>	<p>Svagheter: Tvärsnittsdesign begränsar möjligheten att dra slutsatser om orsakssamband, och avsaknad av parallella human- eller djurprover inom samma laboratorieanalys begränsar One Health-integrationen.</p>
<p>Kim et al., 2021</p> <p><i>Prevalence and Molecular Epidemiology of Extended-Spectrum-β-Lactamase (ESBL)-Producing Escherichia coli From Multiple Sectors of the Swine Industry in Korea: A Korean Nationwide Monitoring Program for a One Health Approach to Combat Antimicrobial Resistance</i></p>	<p>Nationell tvärsnittsstudie med syftet att kartlägga förekomst och molekylär epidemiologi av ESBL-producerande <i>E. coli</i> inom flera led av svinindustrin samt hos personer med yrkesmässig djurkontakt.</p>	<p>Sydkorea.</p> <p>Totalt insamlades 1 376 prover mellan januari-augusti 2019 från 21 djurgårdar, 6 slakterier, 20 detaljhandelsbutiker samt 111 arbetare inom svinindustrin. <i>E. coli</i> isolerades och ESBL-verifiering utfördes både fenotypiskt och molekylärt (PCR). Molekylär typning användes för epidemiologisk karakterisering.</p>	<p>Studien omfattar djur, livsmedelskedja och människa som sammanlänkade komponenter i spridningen av ESBL-producerande bakterier.</p>	<p>ESBL-producerande <i>E. coli</i> identifierades i 6,8 % av proverna. Isolat påvisades i samtliga sektorer, inklusive djurhållning, livsmedelsmiljöer och hos människor. CTX-M-varianter utgjorde de dominerande ESBL-generna.</p>	<p>Styrkor: Stort nationellt provurval, inkluderar flera sektorer och bygger på en standardiserad övervakningsdesign.</p> <p>Svagheter: Tvärsnittsdesign begränsar möjligheten att bedöma transmissionsriktning; miljökomponenten utanför livsmedelskedjan är begränsad.</p>
<p>Masarikova et al., 2025</p>	<p>Tvärsnittsstudie med genomisk</p>	<p>Tjeckien</p> <p>Totalt</p>	<p>Studien integrerar djur,</p>	<p>Bland kalvisolaten bar 116/128</p>	<p>Styrkor: Tydlig gårdsbaserad</p>

<p><i>Genomic analysis of extended-spectrum beta-lactamase-producing Escherichia coli from Czech dairy calves and their caretakers</i></p>	<p>analys. Syftet var att undersöka förekomst och genetisk relaterbarhet av ESBL-producerande E.coli mellan kalvar och personer som arbetar på mjölkgårdar.</p>	<p>analyserades 266 rektalprover från kalvar vid 23 mjölkgårdar. Av dessa var 128/266 (48,1 %) positiva för cefotaxim-resistent E. coli. Human provtagning omfattade tre djurskötare och en veterinär, där ESBL-producerande E. coli isolerades hos skötare. Helgenomsekvensering utfördes på ett urval av isolat för att kartlägga genetiska relationer och potentiella transmissions händelse.</p>	<p>människa och gårdsmiljö som sammanlänkade komponenter i spridningen av ESBL-producerande bakterier.</p>	<p>(90,6 %) blaCTX-M-gener. De vanligaste varianterna var blaCTX-M-14 (44 %) och blaCTX-M-1 (34 %). Genetiskt närbesläktade isolat identifierades hos både kalvar och djurskötare, inklusive delade sekvenstyper såsom ST10 och ST34, vilket indikerar möjlig interspecies-överföring.</p>	<p>One Health-design, detaljerad djurprovtagning och användning av genomisk analys.</p> <p>Svagheter: Mycket litet humanurval, vilket begränsar generaliserbarheten och möjligheten att dra robusta slutsatser om transmissions mönster.</p>
<p>Muhummed et al., 2024</p> <p><i>Fecal carriage of ESBL-producing Escherichia coli and genetic characterization in rural children and livestock in the Somali region, Ethiopia: a One Health approach</i></p>	<p>Tvärsnittsstudie med syftet att undersöka fekalt bärarskap av ESBL-producerande E.coli hos barn och boskap i en landsbygdskontext samt att genetiskt karakterisera förekommande isolat.</p>	<p>Studien genomfördes i Etiopiens Somali-region.</p> <p>Fecesprover insamlades från 366 barn (2–5 år) och 243 djur (boskap). Fenotypisk ESBL-verifiering utfördes, följt av PCR-baserad detektion av bla-gener. Ett urval av 48 humanisolat analyserades vidare med helgenomsekvensering</p>	<p>Studien integrerar människa, djur och hushållsmiljö som sammanlänkade komponenter i spridningen av ESBL-producerande bakterier i en pastoral landsbygdsmiljö.</p>	<p>ESBL-producerande E. coli påvisades hos 159/366 (43,4 %) av barnen. Bland djuren var förekomsten 9/243 (3,7 %). blaCTX-M-15 var den dominerande ESBL-genen bland humanisolaten. Resultaten indikerar en betydande human börda av ESBL-producerande bakterier i området, medan</p>	<p>Styrkor: Samtidig provtagning från människor och djur, tydlig landsbygdskontext och kombination av PCR och WGS för genetisk karakterisering.</p> <p>Svagheter: Tvärsnittsdesign begränsar möjligheten att dra slutsatser om transmissions riktning, och WGS utfördes</p>

		(WGS) för att kartlägga genetiska profiler och potentiella spridningsmönster.		förekomsten hos boskap var låg.	endast på humanisolat, vilket begränsar jämförbarheten mellan sektorer.
<p>Pérez-Etayo et al., 2022</p> <p><i>Clonal Complexes 23, 10, 131 and 38 as Genetic Markers of the Environmental Spread of Extended-Spectrum β-Lactamase (ESBL)-Producing Escherichia coli</i></p>	<p>Molekylär epidemiologisk analys med syftet att identifiera klonkomplex associerade med spridning av ESBL-producerande E.coli mellan människa, livsmedel och miljö.</p>	<p>Spanien</p> <p>Studien omfattade 61 ESBL-producerande E. coli-isolat från flera nischer: livsmedel (n = 21), vatten (n = 25), friska humana bärare (n = 13) samt ytterligare två vattenisolat. Molekylär typning utfördes med MLST och PCR-baserad genotypning för att kartlägga klonala komplex och associerade resistensgener.</p>	<p>Studien integrerar människa, livsmedel och miljö som sammanlänkade komponenter i spridningen av ESBL-producerande bakterier.</p>	<p>Klonkomplexen CC10, CC23, CC131 och CC38 identifierades i flera sektorer och återfanns i både human- och miljörelaterade isolat. Dessa klonkomplex representerar genetiskt närbesläktade grupper inom E. coli och utgjorde i denna studie ESBL-producerande stammar. De var kopplade till specifika blaCTX-M-varianter och fungerade som genetiska markörer för spridning över olika ekologiska nischer</p>	<p>Styrkor: Tydlig One Health-bredd och robust molekylär typningsmetodik.</p> <p>Svagheter: Sekundär analys av tidigare insamlade isolat samt begränsat antal stammar, vilket påverkar generaliserbarheten.</p>
<p>Rousham et al., 2021</p> <p><i>Human Colonization with Extended-Spectrum Beta-Lactamase-Producing E. coli in Relation to Animal and Environmental Exposures in Bangladesh: An</i></p>	<p>Observationsstudie med syftet att undersöka human kolonisation av ESBL-producerande Escherichia coli i relation till djur- och miljöexponering inom ett One Health-perspektiv.</p>	<p>Bangladesh</p> <p>Studien inkluderade vuxna deltagare med olika grad av fjäderfäexponering: 100 personer med hög exponering och 100 personer med låg exponering. Parallellt insamlades</p>	<p>Studien integrerar människa, djur och miljö som sammanlänkade komponenter för att belysa potentiella exponeringsvägar och reservoarer för ESBL-producerande E. coli.</p>	<p>ESBL-producerande E. coli påvisades i hög frekvens hos både människor (67,5 %) och fjäderfä (68,0 %), samt i särskilt hög omfattning i avloppsvatten (92,5 %). Förekomsten av karbapenemsistenta E. coli</p>	<p>Styrkor: Tydlig exponeringsindelning, parallell provtagning från tre sektorer och god överensstämmelse med One Health-principer.</p> <p>Svagheter: Tvärsnittsdesign begränsar möjligheten</p>

<p><i>Observational One Health Study</i></p>		<p>prover från fjäderfä (n = 200), dricksvatten (n = 120) och avloppsvatten (n = 120). Totalt omfattade studien 40 rurala hushåll, 40 gårdar och 40 urbana marknader. Provtagningen möjliggjorde jämförelser mellan människa, djur och miljö i olika exponeringsmiljöer.</p>		<p>var låg hos människor och fjäderfä (1 %), men avsevärt högre i avloppsvatten från urbana marknader (30 %). Ingen signifikant skillnad i human kolonisation observerades mellan individer med hög respektive låg fjäderfäexponering. Gemensamma resistensgener, inklusive blaCTX-M-1, blaTEM och qnr, identifierades i samtliga tre One Health-sektorer, vilket indikerar delade resistensmekanismer över människa–djur–miljö.</p>	<p>att fastställa transmissionsriktning, och flera resultat presenteras i tabellform vilket kräver noggrann tolkning vid syntes.</p>
<p>Sartori et al., 2023 <i>Phylogenomic Analysis of CTX-M-15-Positive Escherichia coli from Companion Animal Reveals Intercontinental Dissemination of ST90 Within a One Health Framework</i></p>	<p>Genomisk, isolatbaserad observationsstudie. Syftet var att genom helgenomsekvensering karakterisera ett CTX-M-15-producerande E.coli-isolat från ett sällskapsdjur och placera detta i ett globalt fylogenetiskt One Health-perspektiv.</p>	<p>Brasilien Studien baserades på ett ESBL-producerande E. coli-isolat från en hund i klinisk veterinärkontext. Analysen omfattade fenotypisk resistensbestämning, PCR-baserad detektion av ESBL-gener, helgenomsekvensering</p>	<p>Studien tillämpar ett One Health-perspektiv genom att sätta ett veterinärt isolat i relation till globalt spridda humana och miljörelaterade ST90-isolat, med fokus på potentiella klonala kopplingar och spridningsvägar.</p>	<p>Isolatet var ESBL-producerande och bar blaCTX-M-15. MLST visade att isolatet tillhörde ST90. Fylogenetisk analys demonstrerade nära genetisk släktskap mellan det brasilianska djurisolatet och humana ST90-isolat från andra</p>	<p>Styrkor: Tydlig One Health-inramning och användning av högupplöst WGS/fylogenetik som möjliggör detaljerad kartläggning av klonala linjer. Svagheter: Mycket begränsat empiriskt underlag med fokus på ett enskilt isolat,</p>

	ktiv.	(WGS) samt MLST. Det sekvenserade isolatet jämfördes fylogenetiskt med internationella ST90-genom från humana, djurrelaterade och miljömässiga databaser.		världsdelar, vilket indikerar interkontinental spridning av denna klonlinje.	samt avsaknad av parallell provtagning från människa och miljö inom samma studieupplägg, vilket begränsar möjligheten att dra slutsatser om lokala transmissionsvägar.
Shoaib et al., 2025 <i>Genomic and phylogeographical analysis revealed CTX-M-55 producing Escherichia coli ST10 and ST2325 clones of One Health concern from dairy farm waste in Gansu, China</i>	Miljöbaserad genomisk observationsstudie. Syftet var att identifiera, karakterisera och fylogenetiskt analysera ESBL-producerande E.coli från mejerigårdsavfall samt bedöma deras spridningspotential inom ett One Health-perspektiv.	Gansu-provinsen i Kina. Totalt insamlades 176 miljöprover från mejerigårdsavfall (flytgödsel och avloppsrelaterat avfall) från flera gårdar. Från dessa isolerades 44 E.coli-stammar med ESBL-fenotyp. Analysen omfattade selektiv odling, fenotypisk resistensbestämning, PCR-baserad detektion av ESBL-gener, helgenomsekvensering (WGS), MLST samt fylogenetisk och fylogeografisk analys. De sekvenserade isolaten jämfördes med humana och	Studien belyser miljöavfall som en potentiell reservoar för ESBL-producerande E.coli och kopplar dessa miljöisolat till globalt spridda klonlinjer som även förekommer hos människor och djur, vilket understryker miljöns roll i One Health-spridningskedjan.	Samtliga isolat var ESBL-producerande och bar bla CTX-M-55. Två dominerande kloner identifierades: ST10 och ST2325. Fylogenetisk analys visade att dessa kloner var nära besläktade med humana och animaliska isolat från andra regioner och länder, vilket indikerar möjlig miljömedierad spridning. Plasmidanalys visade dessutom förekomst av mobil genetisk bakgrund associerad med resistensöverföring.	Styrkor: Tydligt definierat miljöurval, avancerad WGS- och fylogeografisk analys samt stark One Health-relevans genom koppling mellan miljöreservoar och global spridning. Svagheter: Avsaknad av parallell provtagning från människa och djur inom samma studieupplägg, tvärsnittsdesign som begränsar möjligheten att fastställa transmissionsriktning samt fokus på avfallsprover snarare än direkta exponeringsvägar.

		animaliska isolat från internationella databaser.			
<p>Tian et al., 2025</p> <p><i>High Prevalence and Genomic Characterization of Extended-Spectrum β-Lactamase-Producing Escherichia coli in the Yellow River and Source Water from a One Health Perspective – Henan Province, China, 2023–2024</i></p>	<p>Miljöbaserad tvärsnittsstudie med genomisk analys. Syftet var att undersöka förekomst, resistensprofiler och genetisk sammansättning hos ESBL-producerande Escherichia coli i ytvatten och råvatten samt att bedöma miljörelaterade risker för spridning inom ett One Health-perspektiv.</p>	<p>Henan-provinsen i Kina.</p> <p>Totalt analyserades 150 vattenprover, varav 100 ytvattenprover från Gula floden och 50 råvattenprover från dricksvattentäkter, insamlade under perioden 2023–2024. Metodiken omfattade selektiv isolering av E.coli, fenotypisk ESBL-verifiering, antibiotikakänslighetstestning, helgenomsekvensering (WGS), MLST, fylogenetisk analys samt kartläggning av resistensgener.</p>	<p>Studien positionerar vattenmiljön som en central reservoar för ESBL-producerande E.coli och belyser potentiella spridningsvägar till människa via dricksvatten, med implikationer för folkhälsa och samhälle.</p>	<p>E.coli isolerades från 78/100 (78,0 %) ytvattenprover och 32/50 (64,0 %) råvattenprover. Bland dessa var 41,0 % av ytvattenisolat och 28,1 % av råvattenisolat ESBL-producerande. De vanligaste ESBL-generna var blaCTX-M-14 och blaCTX-M-15. MLST identifierade flera sekvenstyper, inklusive ST10, ST48 och ST131. Genomisk analys visade hög genetisk diversitet utan dominans av en enskild klonlinje.</p>	<p>Styrkor: Tydligt definierat och omfattande miljöurval, kombination av miljöövervakning och WGS samt direkt relevans för dricksvatten och folkhälsa.</p> <p>Svagheter: Tvärsnittsdesign utan möjlighet att följa tidsmässiga förändringar, avsaknad av parallell human- eller djurprovtagning samt geografisk begränsning till ett område.</p>
<p>VanderYacht et al., 2024</p> <p><i>Lack of wastewater treatment in a small town drives the spread of ESBL-producing Escherichia coli in irrigation</i></p>	<p>Miljöbaserad observationsstudie med tvärsnittsdesign och jämförelse mellan uppströms- och nedströmslokaler. Syftet var att kvantifiera</p>	<p>Píntag i Ecuador.</p> <p>Totalt analyserades 120 vattenprover (60 uppströms och 60 nedströms staden) samt 30 salladsprover bevattnade</p>	<p>Studien kopplar bristande avloppsinfrastruktur till spridning av resistent E. coli i bevattningsvattnen och livsmedel, vilket utgör en direkt risk för human</p>	<p>Nedströms staden ökade E.coli-halterna med nästan tre log-enheter jämfört med uppströms. Andelen 3GCR-E.coli var 6,7 % uppströms och 100 % nedströms. Av</p>	<p>Styrkor: Tydlig jämförande uppströms–nedströmsdesign, robusta kvantitativa data och integrerad analys av miljö-, livsmedels- och genomiska</p>

<i>waters</i>	effekten av utebliven avloppsrening på förekomst och spridning av ESBL- och tredje generationens cefalosporiner (3GCR)-producerande E.coli i bevattningsvattnen och grödor inom ett One Health-perspektiv.	med nedströmsvatten. Vidare analyserades 58 isolat av ESBL/3GCR-E. coli. Metoden omfattade kvantifiering av E. coli (CFU), fenotypisk bestämning av 3GCR/ESBL, PCR-baserad detektion av ESBL-gener, helgenomsekvensering (WGS), MLST och klonanalys.	exponering och folkhälsa.	nedströmsisolaten bar 70,1% blaCTX-M. Pandemiska kloner såsom ST131 och ST10 identifierades. ESBL-producerande E.coli påvisades även i salladsprover bevattnade med nedströmsvatten.	komponenter. Svagheter: Studien omfattar endast en stad, saknar interventionsmoment och kan därmed inte fastställa kausala samband.
Zhou et al., 2022 <i>Antimicrobial Resistance and Prevalence of Extended Spectrum β-Lactamase-Producing Escherichia coli from Dogs and Cats in Northeastern China from 2012 to 2021</i>	Retrospektiv tvärsnittsstudie baserad på övervakningsdata. Syftet var att undersöka prevalens, resistensmönster och förekomst av ESBL-gener hos E.coli isolerade från hundar och katter under en tioårsperiod, samt att belysa sällskapsdjurs potentiella roll som reservoarer för ESBL-producerande bakterier inom ett One Health-perspektiv.	Nordöstra Kina Studien omfattade 1 438 E.coli-isolat från kliniska prover insamlade från hundar och katter som sökt veterinärvård mellan 2012 och 2021. Metodiken inkluderade bakteriell isolering, antibiotikakänslighetstestning (diskdiffusion/mikrodilution enligt CLSI), fenotypisk ESBL-verifiering, PCR-baserad detektion av ESBL-gener (blaCTX-M-grupper, blaTEM, blaSHV) samt	Studien betraktar sällskapsdjur som potentiella reservoarer för ESBL-producerande E.coli med relevans för human exponering i hemmiljö, vilket kopplar till folkhälsorisker.	Av de 1 438 isolaten var 303 (21,1%) ESBL-producerande. Prevalensen ökade signifikant över studieperioden. blaCTX-M var den dominerande ESBL-genfamiljen, särskilt blaCTX-M-15 och blaCTX-M-55. ESBL-producerande isolat uppvisade omfattande samresistens mot flera antibiotikaklasser. Skillnader i prevalens observerades mellan isolat från hundar respektive katter.	Styrkor: Mycket stort urval, lång tidsperiod som möjliggör trendanalys samt användning av standardiserade resistens- och molekylärbiologiska metoder. Svagheter: Endast veterinärkliniska prover, vilket kan överskatta resistensnivåer, samt avsaknad av parallell human- eller miljöprovtagning, vilket begränsar möjligheten att bedöma transmissionsvägar.

		tidsserieanalys av resistensutvec king.			
--	--	--	--	--	--