Livsmedelsverket

L – 2025 nr 16

Kartläggning av mikrobiologiska faror i malet kött av vildsvin

Denna titel kan laddas ner från: Livsmedelsverkets publikationer

Citera gärna Livsmedelsverkets texter, men glöm inte att uppge källan. Bilder, fotografier och illustrationer är skyddade av upphovsrätten. Det innebär att du måste ha upphovsmannens tillstånd att använda dem.

© Livsmedelsverket, 2025.

Författare:
Jakob Ottoson.

Rekommenderad citering:
Livsmedelsverket. Ottoson J. L – 2025 nr 16: Kartläggning av mikrobiologiska faror i malet kött av vildsvin. Livsmedelsverkets rapportserie 2025. Livsmedelsverket, Uppsala.

L – 2025 nr 16
ISSN 1104–7089

Förord

Sveriges vildsvinsbestånd har ökat dramatiskt och orsakar skador på jordbruket. Vildsvin anses dock vara en värdefull resurs med avseende på kött. Mot denna bakgrund lanserades det så kallade vildsvinspaketet 2020, ett regeringsuppdrag som syftade till att öka vildsvinsjakten och konsumtionen av vildsvinsprodukter. Detta kommer leda till att vildsvinsprodukter når fler i befolkningen, vilket också inkluderar sårbara grupper inom förskola, vård och omsorg som inte tidigare konsumerat vildsvin i särskilt stor utsträckning. Därför är det viktigt att få god kännedom om de mikrobiologiska faror som kan vara förknippade med hantering och konsumtion av vildsvinsprodukter. Salmonella, shigatoxinproducerande E. coli (STEC), Yersinia och Hepatit E virus (HEV) är viktiga patogener som kan spridas från vildsvin till människor, bland annat via kött från vildsvin och produkter därav.

Denna rapport ger en grov översiktsbild över förekomsten av dessa fyra viktiga humanpatogener som kan finnas hos vildsvin samt E. coli som indikator för att bedöma vilken hygienisk nivå köttet håller efter flödet från skottets placering i skogen fram till konsument. Dessa data förbättrar möjligheterna till värdering av risken med konsumtion av produkter från vildsvin. Dessutom undersöktes förekomsten av antibiotikaresistenta bakterier som en indikator för resistensnivåerna i den svenska miljön.

Provtagning och mikrobiologisk analys av proverna har gjorts av Livsmedelsverket. Arbetet har letts av mikrobiolog Monica Ricão Canelhas och rapporten har sammanställts av Jakob Ottoson. Emmeli Sjöqvist, Gunilla Barmark, Irina Boriak, Jimmy Sahlin, Lorena Grubisic, Lovisa Persson, Helena Dahlén, Niklas Axén, Madeleine Moazzami, Paula Ågren, Boel Harbom och Oskar Nilsson har deltagit i arbetet. Rapporten har granskats av Mats Lindblad, Åsa Rosengren och Catarina Flink, avdelningen för Råd och reglering samt Arja Kautto, avdelningen för Livsmedelskontroll.

Livsmedelsverket april 2025

Maria Sitell
Enhetschef, enheten för mikrobiologi

Innehåll

Ordlista och förkortningar ... 6
Sammanfattning ... 7
Summary ... 8
Microbiological hazards in wild boar minced meat ... 8
Bakgrund ... 9
Sjukdomsframkallande mikroorganismer ... 10
Hepatit E virus ... 10
Salmonella spp. ... 10
Shigatoxinproducerande *E. coli* (STEC) ... 11
Yersinia enterocolitica och Y. pseudotuberculosis. ... 12
Processhygien- och livsmedelssäkerhetskriterier ... 13
E. coli ... 13
Antibiotikaresistenta bakterier ... 14
Indikatorbakterier ... 14
Extended Spectrum Beta-Lactamase (ESBL)-bildande E. coli ... 14
Material och metoder ... 15
Provtagning ... 15
Analys ... 15
Provberedning ... 15
Hepatit E virus ... 15
Salmonella ... 15
STEC ... 16
Yersinia enterocolitica och Y. pseudotuberculosis ... 16
E. coli ... 16
Resistensundersökning ... 17
ESBL-bildande *E. coli* ... 17
Resultat ... 18
Sjukdomsframkallande mikroorganismer ... 18
E. coli ... 19
Diskussion ... 21
Hepatit E virus ... 21
Salmonella ... 21
Shigatoxinproducerande E. coli (STEC) ... 21
Yersinia ... 22
E. coli ... 22
Andra patogener ... 23
Slutsatser ... 24
Referenser ... 25

Ordlista och förkortningar

ail	Genen för *ail* (attachment invasion locus) kodar för ett protein, Ail, som är ett membranprotein som gör att yersiniastammar kan vidhäfta och invadera celler samt att det ger serumresistens.
CFU	Kolonibildande enhet (colony forming unit), ett mått på antalet levande bakterier i ett prov.
eae	Genen för *eae* (E. coli attaching and effacing gene) kodar för ett protein (intimin) som gör att STEC-bakterien kan vidhäfta till tarmen.
ESBL	”Extended spectrum beta-lactamase” är ett samlingsnamn för en grupp enzymer som inaktiverar betalaktam-antibiotika såsom penicilliner och cefalosporiner. Enzymen produceras främst av tarmbakterier som tillhör ordningen Enterobacterales, bland annat E. coli.
HACCP	Hazard analysis and critical control points (faroanalys och kritiska styrpunkter). En systematisk metod att kartlägga, bedöma och kontrollera faror i livsmedelsproduktionen. Se artikel 5, Förordning (EG) nr 852/2004.
Helgenomsekvensering	Metod för att identifiera sekvensen för all arvsmassa hos en organism.
Isolat	Enskild typ av bakterie som odlats fram och isolerats från en blandad bakteriepopulation.
Malet kött-anläggning	En livsmedelsanläggning godkänd av Livsmedelsverket för malning av kött enligt definition i punkt 1.13, Bilaga I, Förordning (EG) nr 853/2004 (EU,2004b).
Serotyp	En indelning av mikroorganismer baserat på antigen i deras ytstruktur i cellmembranet, så kallat O-antigen.
ST	Sekvenstyp, klassning av olika bakterier utifrån DNA-sekvens hos ett begränsat antal gener med basala funktioner i cellen. Bestämning av sekvenstyp hos *E. coli* baseras på DNA-sekvensen hos sju gener.
STEC	Shigatoxinproducerande E. coli, stammar av E. coli som producerar shigatoxin.
Stx	Shigatoxin, varav toxinet skrivs med stor första bokstav och generna med små bokstäver samt kursiverat (ex. Stx1, *stx1*).
Subtyp	Genetisk variant av art eller genotyp.
Typning	Metodik för noggrannare karaktärisering av isolat, t.ex. identifiering av stam, serotyp eller sub(geno)typ.
VHA	Vilthanteringsanläggning, av Livsmedelsverket godkänd anläggning för uppslaktning av vilt. Se punkt 1.18, bilaga I, Förordning (EG) nr 853/2004 (EU, 2004a).
Virulensfaktor	En beståndsdel hos en organism som avgör dess förmåga att orsaka sjukdom, men som inte är nödvändig för organismens livskraft i övrigt.

Sammanfattning

Livsmedelsverket har undersökt faror i kött från vildsvin, bland annat fyra patogener som kan spridas från vildsvin till människor. Detta för att användningen av vildsvinskött ska ökas, enligt ett regeringsuppdrag. Om vildsvinsprodukter når fler i befolkningen, når de även mer sårbara grupper, till exempel genom måltider i förskolor, vård och omsorg. Det ingår i Livsmedelsverkets ansvar för livsmedelssäkerheten att se till att det finns regelverk och vägledning, samt att jägare, företag och konsumenter får den information de behöver för att följa reglerna, så att man kan äta vildsvinskött på ett säkert sätt.

I denna kartläggning undersöktes förekomsten, i malet kött, av tre sjukdomsframkallande bakterier som är vanliga hos vildsvin: Salmonella, shigatoxinproducerande E. coli (STEC) och Yersinia. I serum undersöktes förekomsten av aktiv hepatit E-infektion (HEV). Dessutom undersöktes förekomsten av E. coli, som förekommer naturligt i tarmen hos varmblodiga djur, för att få en bild av hur fekalt förorenat köttet är.

Alla undersökta patogener påvisades

Vi kunde bara grovt uppskatta förekomsten av farorna, men alla kunde påvisas, i större eller mindre omfattning. Det är dock svårt att bedöma risken för flera av dem utan typning av isolat.

Salmonella påvisades i 6,2 procent av proverna – i 9 av 144. Detta var en förväntad nivå, med tanke på den förekomst som Statens veterinärmedicinska anstalt har påvisats hos vildsvin.

STEC kunde isoleras från 10 procent av proverna, medan 63 procent bedömdes som presumptivt positiva, enligt PCR-positiv anrikningsbuljong. Vi bedömer att 10 procent är en underskattning och 68 procent är överskattning. För att kunna riskbedöma STEC behöver isolaten sekvenseras.

En hög andel, 40 procent, av proverna var positiva för Yersinia enterocolitica, enligt PCR-postiv anrikningsbuljong, men bakterien kunde bara isoleras från 6,9 procent av proverna. Även isolaten av Y. enterocolitica bör typas, för att se hur stor andel som utgörs av bioserotyper som har påvisats hos kliniska humanfall.

HEV förekom i 2,4 procent av de vildsvin vi analyserade prover från. Detta är i nivå med den uppskattade förekomsten i tamgrisar vid slakt.

Mycket vanligt med fekal förorening

En stor andel av proverna var fekalt förorenade. I 60 procent påvisades E. coli i halter högre än 500 CFU per gram. Föroreningen var förknippad med högre förekomst av Salmonella och Yersinia, och med svårighet att isolera STEC och Yersinia. Resistensnivån på indikatorbakterier, isolerade från malet kött, var mycket låg. Detta är positivt och tyder på ett lågt selektionstryck från miljön för svenska vildsvin.

Jägare behöver få utbildning

Det behövs utbildning för jägare, bland annat om hur man gör ett hygieniskt urtag av mag-tarmpaketet, för att undvika att köttet kontamineras av tarminnehållet. Konsumenter och kökspersonal behöver dessutom följa Livsmedelsverkets allmänna råd om hygien i köket, för att minska riskerna. Malet kött ska alltid genomstekas.

Summary

Microbiological hazards in wild boar minced meat

The Government commissioned, among others, the Swedish Food Agency with making it easier for consumers to obtain wild boar meat and for hunters and producers to sell the meat. This will lead to wild boar products reaching more people in the population, which also includes vulnerable groups in preschools, health care and social care who have not previously consumed wild boar to a particularly large extent. The Swedish Food Agency's responsibility primarily concerns food safety: here, to ensure that there are regulations and guidance in place so that wild boar meat can continue to reach consumers in a safe manner, and that those who in practice ensure that this happens (hunters, companies and consumers) receive the knowledge and information which they need to comply with this guidance.

In this survey, minced wild boar meat has been analysed for three disease-causing bacteria commonly found in wild boar: Salmonella, Shiga toxin-producing E. coli (STEC) and Yersinia. In addition, the occurrence of active hepatitis E infection has been investigated in serum from shot wild boars. These four microorganisms are important pathogens that can be spread from wild boars to humans via wild boar meat and products thereof. In addition, E. coli has been analysed. The occurrence of E. coli can be seen as an indirect measure of how faecally contaminated the meat is, as the bacteria usually occur naturally in the intestines of warm-blooded animals.

The occurrence of various hazards in minced meat from wild boar was estimated roughly, but all hazards could be detected to a greater or lesser extent. However, it is difficult to assess the risk of some of these hazards before further typing of isolates has been performed. HEV occurred in 2.4 % of sampled wild boars, which is on par with the estimated occurrence in domestic pigs at the time of slaughter. Salmonella was detected in nine (6.2%) of 144 samples of minced meat, which corresponds to an expected occurrence considering the occurrence detected in wild boars in the Swedish Veterinary Agency's surveillance. STEC could be isolated in 10 % of the samples, which is considered an underestimate; 63% of the samples were considered presumptive positive (PCR-positive enrichment broth for *stx*-genes and *eae*), which is considered an overestimation. In order to be able to assess the risk of STEC, the isolates need to be sequenced. A high proportion of the samples (40%) were positive for Y. enterocolitica (detection of *ail* in the enrichment broth) but could only be isolated from 6.9% of the samples. The isolates of Y. enterocolitica should also be further characterised to see what proportion consists of bioserotypes that have been detected in clinical human cases.

A large proportion of the samples were faecally contaminated –E. coli was detected at levels of >500 CFU/g in 60% of them. Furthermore, faecal contamination was associated with i) higher prevalence of Salmonella and Yersinia (PCR detection of *ail*) and ii) difficulties in isolating STEC and Yersinia. The level of resistance of indicator bacteria isolated from minced meat from Swedish wild boars is very low, which indicates a low selection pressure from the environment in which the wild boars live. There is a need for training of hunters, e.g. with regard to hygienic removal of the gastrointestinal content to avoid contamination of the meat. For consumers and people working in kitchens, it is of great importance to follow the Swedish Food Agency's general advice on hygiene in the kitchen and to cook minced meat thoroughly.

N.B. The title of the publication is translated from Swedish, however no full version of the publication has been produced in English.

Bakgrund

Sveriges vildsvinsbestånd har ökat dramatiskt och leder till en stor kostnad bland annat i form av skador på jordbruksmark (Jordbruksverket 2025) och en ökning av antalet trafikolyckor (Naturvårdsverket 2025). Även om hälsoläget för vildsvin i Sverige anses som gott finns risk för spridning av smittor till tamsvin (SVA 2025). Vildsvin är dock en värdefull resurs som kan erbjuda kött som betraktas ha låg påverkan på klimatet, även om beräkningar på klimatavtrycket av kött från vildsvin ungefär motsvarar det från svensk tamgris (Hushållningssällskapet 2022). Mot denna bakgrund lanserades det så kallade vildsvinspaketet 2020. Regeringen gav Livsmedelsverket, Jordbruksverket, Länsstyrelsen i Kronoberg och Statens veterinärmedicinska anstalt, SVA, i uppdrag att både göra det lättare för konsumenter att få tag på vildsvinskött och för jägare och producenter att sälja köttet (Livsmedelsverket 2025). Detta kommer leda till att vildsvinsprodukter når fler i befolkningen, vilket också inkluderar sårbara grupper inom förskola, vård och omsorg som inte tidigare konsumerat vildsvin i särskilt stor utsträckning. Livsmedelsverkets ansvar gäller primärt livsmedelssäkerhet; att se till att det finns både regelverk och vägledning så att vildsvinskött kan nå konsument på ett fortsatt säkert sätt, samt att de som i praktiken ser till att detta sker (jägare, företag och konsumenter) får den kunskap och information som de behöver för att följa reglerna (Livsmedelsverket 2025). Även om det finns en hel del data på förekomsten av viktiga sjukdomsframkallande mikroorganismer hos vildsvin publicerade i ett flertal rapporter (Livsmedelsverket 2017; 2019a; 2019b; 2021; Sannö 2018; SVA 2025) saknas det grundläggande information om förekomsten av dem på kött från vildsvin. Dessa data är nödvändiga för att kunna bedöma eventuella risker med en ökad konsumtion i befolkningen i allmänhet, och specifika riskgrupper[1] i synnerhet.

I denna kartläggning har malet kött av vildsvin analyserats med avseende på tre hos vildsvin vanligt förekommande sjukdomsframkallande bakterier: Salmonella, shigatoxinproducerande E. coli (STEC) och Yersinia. Dessutom har förekomsten av aktiv hepatit E infektion undersökts i serum från skjutna vildsvin. Dessa fyra mikroorganismer är viktiga patogener som kan spridas från vildsvin till människor, bland annat via kött från vildsvin och produkter därav. Dessutom har E. coli, analyserats. Förekomsten av E. coli kan ses som ett indirekt mått på hur fekalt förorenat köttet är då bakterierna vanligtvis förekommer naturligt i tarmen hos varmblodiga djur. Att vi valde att analysera just malet kött av vildsvin beror på att detta oftare är förorenat genom hela råvaran. Yt-volym-förhållandet är större för malet kött än för styckningsdetaljerna som kan vara kontaminerade enbart på snittytorna. De aktuella farorna kan finnas hos det slaktade djuret eller på verktyg och utrustning och som sedan kan kontaminera det malda köttet. En tillverkningssats av malet kött kan vidare bestå av råvara från flera olika slaktkroppar vilket ökar sannolikheten för förekomsten av patogenerna i fråga. I studier av STEC-förekomst på såväl nöt- som lammkött har malet kött av dessa djurslag varit kontaminerat i större utsträckning än hela styckningsdetaljer (Livsmedelsverket 2014; 2019c). Dessutom är malet kött av vildsvin den produkt av icke-värmebehandlat vildsvinskött som i dagsläget är vanligast att hitta i en livsmedelsaffär.

[1] Riskgrupper utgörs i regel av små barn, sköra äldre, gravida och immunnedsatta

Sjukdomsframkallande mikroorganismer

Hepatit E virus

Hepatit E-virus (HEV) finns endemiskt över hela världen och är en av de vanligaste orsakerna till viral hepatit (Hoofnagle et al., 2012). Världshälsoorganisationen (WHO) uppskattar att 20 miljoner infekteras årligen av HEV, vilket leder till 3,3 miljoner symtomatiska fall och 44 000 dödsfall (WHO, 2023). HEV är indelat i åtta genotyper (1-8). HEV1 och 2 infekterar bara människa, HEV3 och 4 har gris som huvudvärd men kan infektera människor och fler andra arter, HEV5 och 6 har isolerats från vildsvin i Japan medan HEV7 och 8 har isolerats från kameldjur. HEV3 är vidare indelat i tre klader[2] och tio subgenotyper; klad I omfattar HEV3abchij, klad II HEV3efg och klad III HEV3ra. Dessutom finns flera oklassificerade stammar, bland annat från älg i Sverige (Forni et al., 2018). Alla genotyper tillhör troligtvis en och samma serotyp (van der Eijk et al., 2017).

Infektion med HEV1 och 2 ger akut hepatit, vilken ofta uttrycker sig som gulsot, som är övergående, men leversvikt med hög mortalitet hos gravida kvinnor förekommer. Smittspridningen är fekal-oral och transmissionsvägen ofta via vattenburna utbrott i tropiska och sub-tropiska regioner. Infektion med HEV3 och 4 är oftast subklinisk men kan resultera i akut infektion, särskilt hos patienter med underliggande leversjukdom, samt ge kronisk sjukdom - skrumplever och problem i andra delar av kroppen – hos personer med nedsatt immunförsvar (van der Eijk et al., 2017). I Europa förekommer i huvudsak HEV3 och smittspridningen sker via livsmedel (Ruggeri et al., 2013). I Sverige rapporteras mellan 10 och 30 inhemska fall årligen (Folkhälsomyndigheten 2025).

Epidemiologin för HEV3 är komplex eftersom det finns flera källor och infektionsvägar (Pavio 2017). Konsumtion av produkter från gris är den viktigaste infektionsvägen hos människor, men även miljöspridning via förorenat vatten, tvåskaliga blötdjur och bevattnade vegetabilier samt blodtransfusioner kan ha betydelse. Det är troligt att infektionsvägarna varierar mellan och inom länder samt över tid (Dalton & Izopet, 2018, Mansuy et al., 2015). I en tysk fall-kontrollstudie var konsumtion av grislever, fläskkött, frankfurters (skållad och kallrökt korv), leverkorv, råa vegetabilier och kontakt med avloppsvatten förknippat med en ökad risk. Flest fall (ca 40 %) kunde attribueras till leverkorv och frankfurters (Faber et al., 2018). Även i Nederländerna har konsumtion av korv (salami) och kontakt med smutsigt vatten förknippats med en ökad exponering (Mooij et al., 2018) samt direktkontakt med gris i Italien (Mughini-Gras et al., 2017). Livsmedelsburna Hepatit E-utbrott har framför allt orsakats av leverkorv, andra korvar, vildsvins- och fläskkött, men i de allra flesta fall har källan inte gått att spåra (EFSA, 2017). I en tidigare svensk studie var förekomsten hos vildsvin (HEV RNA i blod) 8 % (13/159); 15 % (8/64) hos årsungar och 5 % (5/95) hos djur över ett år (Widen et al., 2011).

Salmonella spp.

Salmonella är ett släkte av zoonotiska tarmbakterier som tillhör familjen Enterobacteriaceae. I Sverige rapporteras mellan 1000 och 2000 fall per år, varav mellan hälften och två tredjedelar är utlandssmittade. Vanligen ses ett akut insjuknande med buksmärtor, feber, diarréer och ibland kräkningar (Folkhälsomyndigheten 2025). Dessa pågår normalt i upp till en vecka och sedan läker infektionen ut av sig själv. Hos riskgrupper kan salmonellainfektion leda till uttorkning och elektrolytrubbningar som kan bli mycket allvarliga om de inte behandlas. Andra följdsjukdomar är

[2] En klad är sammanhängande grupp av stammar som visar fylogenetiskt släktskap i en genetisk analys

reaktiv artrit (ledvärk) samt att bakterierna sprider sig från mag-tarmsystemet och i vissa fall orsaka sepsis (Uzzau et al. 2000).

Det finns två arter av salmonella – Salmonella enterica och Salmonella bongori. S. enterica är vidare uppdelad i sex underarter, enterica, salamae, arizonae, diarizonae, indica och houtenae. Dessa delas i sin tur upp i serotyper och för närvarande har ca 2500 sådana beskrivits. De flesta serotyper som förknippas med livsmedelsburen sjukdom återfinns under S. enterica subsp. enterica. Specifika typer av salmonella kallas ofta endast för serotyp-namnet. I Europa orsakas de flesta fall av S. Enteritidis och S. Typhimurium (EFSA & ECDC 2024). Hos gris och vildsvin förekommer en värdanpassad serotyp, S. Choleraesuis som orsakar vårare sjukdom hos djuren med till exempel lunginflammation, blodförgiftning, ledinfektioner eller svårare diarréer som följd. Även människa kan smittas av denna serotyp (Uzzau et al. 2000). Värdanpassade serotyper karaktäriseras ofta av att de har en lägre genetisk diversitet, men också att många av dem är mer virulenta och därmed oftare orsakar kliniska symtom i sin värd än de mindre värdspecifika serotyperna såsom exempelvis S. Typhimurium och S. Enteritidis (Baumler et al. 1998). Som ett indirekt mått på allvarlighetsgraden kan förhållandet mellan blodisolat/totalt rapporterade isolat för en specifik serotyp ge en indikation på hur virulenta olika serotyper i genomsnitt är. I den största av dessa genomgångar, genomförd på europeiska humanisolat från databasen Enter-net, var denna kvot för Choleraesuis (33 %), Dublin (41 %) som förekommer hos nötkreatur, Paratyphi A (55 %), Paratyphi C (54 %) och Typhi (60 %), som enbart förekommer hos människa. Motsvarande kvot för de vanligaste orsakerna till salmonellos var 1,2 % för Enteritidis och 1,5 % för Typhimurium (Wollin 2007). I Sverige har ett fall per år av S. Choleraesuis rapporterats hos människa under de senaste åren (Folkhälsomyndigheten 2025).

Med anledning av ett utbrott av S. Choleraesuis i en grisbesättning i Skåne i september 2020 inledde SVA (2025) en undersökning av frilevande vildsvin som en del i smittspårningsarbetet. Övervakningen omfattar både salmonella hos vildsvin fällda vid jakt samt sjuka eller självdöda vildsvin som kommer in till obduktion eller provtas i fält. Av 794 vildsvin fällda i jakt sedan 2020 kunde S. Choleraesuis påvisas hos 63 (7,9 %). Övriga salmonella kunde påvisas hos 29 (3,7 %) (SVA 2025). I en forskningsstudie påvisade Sannö (2018) salmonella med PCR i prover från 32 av 178 vildsvin (18 %), oftast i prover från tonsillerna. Salmonella kunde isoleras från 28 av dessa, varav två tredjedelar utgjordes av serotyper som har förknippats med humanfall. S. Choleraesuis påvisades dock inte.

Shigatoxinproducerande E. coli (STEC)

Infektion med shigatoxinproducerande Escherichia coli (STEC) kan orsaka allvarlig sjukdom hos människa med stort lidande för individen och även höga kostnader för samhället. Infektionen kan ha dödlig utgång (Socialstyrelsen, 2014). Bakterien producerar toxinerna shigatoxin 1 (Stx1) och shigatoxin 2 (Stx2) och motsvarande gener benämns *stx1* respektive *stx2*. STEC binder till tarmväggens celler, varifrån den förökar sig. Bakterien kan orsaka blodiga diarréer och i vissa fall kan det leda till organskador, oftast njurarna med hemolytiskt uremiskt syndrom (HUS) som följd. HUS innebär sönderfall av röda blodkroppar och njursvikt. Små barn och äldre personer drabbas förhållandevis oftare av komplikationer (Folkhälsomyndigheten 2025). Alla STEC orsakar inte allvarlig sjukdom hos människa. De två huvudgrupper av toxin (Stx1 och Stx2) delas in i undergrupperna Stx1a, c och d, samt Stx2a, b, c, d, e, f och g. Vissa undergrupper, särskilt Stx2a tillsammans med ett protein (intimin), kodat av genen *eae,* som gör att bakterien kan fästa till tarmväggen har visat sig förekomma oftare vid allvarligare sjukdom, såsom blodig diarré och med

efterföljande komplikationer. Andra undergrupper ger oftare mildare symtom, där exempelvis Stx2e klassas som mindre allvarlig för människa (FAO & WHO, 2018).

Idisslare, särskilt nötkreatur, betraktas som naturlig reservoar för STEC och med livsmedel såsom dåligt tillagat malet kött av nöt, förorenade vegetabilier och opastöriserad mjölk som de huvudsakliga orsakerna till livsmedelsburna STEC-utbrott. Andra idisslare, såsom får, getter och rådjur, kan också fungera som reservoarer för STEC. Icke-idisslande djur, såsom svin och fjäderfä kan bära på och överföra STEC till andra djur och människor men STEC-utbrott kopplade till livsmedel från icke-idisslande djur, inklusive fläsk och vildsvinskött, är ovanliga (Zhang et al. 2021). Martin & Beutin (2011) fann signifikanta samband för livsmedelsburen STEC för *stx1* och *stx2* från nötkött och mjölkprodukter medan *stx2e* var associerad med STEC från fläsk- och vildsvinskött. *Stx1c* och *stx2b* var signifikant vanligare i STEC från hjortkött samt kött och mjölkprodukter från får och getter (Martin & Beutin 2011). Även i en italiensk studie på STEC i produktionskedjan av fläskkött påvisades i huvudsak *stx2e*. Hos svin anses Stx2e vara en nyckelfaktor som är involverad i skadan av svinendotelceller och spelar en viktig roll i patogenesen av ödemsjukdom hos gris. Däremot isoleras sällan Stx2e-producerande E. coli från människor, och vanligtvis endast från asymtomatiska bärare eller från patienter med milda symtom, såsom okomplicerad diarré (Ercoli et al. 2015).

Yersinia enterocolitica och Y. pseudotuberculosis.

Yersinia enterocolitica och Y. pseudotuberculosis är vanliga i miljön och förekommer naturligt hos många djurarter inklusive vilda djur, får, kor, hästar, hundar och grisar. Svinkött anses vara den vanligaste smittkällan till människa, men även andra livsmedel kan vara kontaminerade inklusive opastöriserad mjölk, färska grönsaker och vatten (Folkhälsomyndigheten 2025). Kliniska symptom inkluderar diarré, kräkningar, feber samt buksmärtor som kan misstas för blindtarmsinfektion. Bakterien drabbar oftast barn och kan då orsaka blodig diarré. I Sverige rapporteras i regel mellan 300 och 400 fall varje år, av vilka cirka 80 % är inhemskt förvärvade. De allra flesta fallen i Europa, inklusive Sverige, orsakas av Y. enterocolitica (EFSA & ECDC 2024; Folkhälsomyndigheten 2025).

Beroende på patogenicitet och geografisk spridning är Y. enterecolitica uppdelad i fem biotyper: 1A, 1B, 2, 3, 4, 5. där biotyperna 1B, 2–5 är associerade med sjukdomar hos människor och djur. Stammar som tillhör biotyp 1A anses vanligtvis som icke-patogena, även om det pågår en diskussion om patogeniciteten hos några stammar tillhörande denna grupp (Palau et al. 2024). I en schweizisk studie var biotyp 1A den näst vanligaste som isolerades från kliniska isolat (avföring) (Stevens et al. 2024). Y. enterocolitica-stammar differentieras vidare genom serotypning med avseende på O-antigen. Det finns cirka 60 serotyper; de vanligaste associerade med sjukdom hos människor och djur är O:3, O:5,27, O:8 och O:9. Den vanligaste bioserotypen hos humanfall i Europa är 4/O:3, som har en stark koppling till förekomst hos tamsvin (Le Guern et al. 2016; Petsios et al. 2016). Under 2023 anmäldes 204 fall av Y. enterocolitica i Sverige, varav 96 serotyp O:3 och 17 O:9, samt 31 fall av Y. pseudotuberculosis medan 93 fall saknade information om art (Folkhälsomyndigheten 2025).

Detektion av Yersinia gjordes genom detektion av genen *ail* hos Y. enterocolitica respektive Y. pseudotuberculosis (se vidare nedan). *Ail*-genen är till stor del begränsad till patogena Yersiniastammar men den kan även uttryckas i mindre virulenta stammar, t.ex. Y. enterocolitica biotyp 1A-stammar (Petsios et al. 2016). Patogena Yersinia-stammar producerar i normala fall Ail, men alla Ail-producerande stammar är inte sjukdomsframkallande utan andra faktorer är också av

betydelse såsom virulensplasmiden pYV, vilken dock inte finns hos Biotyp 1A-stammar av Y. enterocolitica (Le Guern et al. 2016).

I en svensk studie över förekomsten på vildsvin kunde Y. enterocolitica påvisas med PCR för *ail*-genen i 46 av 178 vildsvin (26 %) och Y. pseudotuberculosis i 37 (21 %). Från dessa prover erhölls tio isolat av Y. enterocolitica, varav ett var av bioserotyp 4/O:3 samt ett av biotyp 1B som anses vara högpatogen. Y. pseudotuberculosis kunde isoleras från 13 prover. Tonsillerna var den provtyp som oftast var positiv. Dessutom analyserades malet kött av vildsvin från jägare och vilthanteringsanläggningar (VHA); 10 av 32 prover (31 %) var PCR-positiva för Y. enterocolitica (*ail*) (Sannö 2018).

Processhygien- och livsmedelssäkerhetskriterier

Livsmedelslagstiftningen inom den gemensamma marknaden (EU, 2005) definierar processhygien- och livsmedelssäkerhetskriterier. Ett processhygienkriterium definierar villkor för en godtagbart fungerande tillverkningsprocess (EU, 2005). Ett sådant kriterium tillämpas inte på produkter som har släppts ut på marknaden. Det fastställer ett indikativt värde på den föroreningsnivå över vilket korrigerande åtgärder krävs för att bibehålla eller återfå hygienen i processen i överensstämmelse med livsmedelslagstiftningen. Livsmedelssäkerhetskriterier definierar villkor för acceptansen av en produkt eller ett livsmedelsparti och som tillämpas på produkter som släppts ut på marknaden. Om de föreskrivna gränserna överskrids betraktas varorna osäkra och ska återkallas från marknaden eller om varor finns kvar i anläggningen kan dessa i vissa fall destineras till annan typ av tillverkning som hanterar den utpekade faran.

Livsmedelsföretagarna ska i varje led av livsmedelskedjan vidta åtgärder grundade på HACCP-principer tillsammans med god hygienpraxis för att säkerställa att god hygien uppfylls. Livsmedelsföretagarna skall utföra lämplig provtagning och analys enligt de mikrobiologiska kriterier som fastställs då de validerar eller verifierar att deras förfaranden fungerar på rätt sätt. Antalet prover provtagningstillfällen bör anpassas till storleken på produktionen och styrs av livsmedelsföretagaren. Vid goda resultat kan antalet provtagningstillfällen minskas. Antalet prover per tillfälle får också minskas om livsmedelsföretagaren med stöd av befintlig dokumentation kan styrka effektiva HACCP-baserade förfaranden. Däremot måste alltid antalet enheter per prov uppgå till fem. Vid en situation där företagaren inte har processens hygien under kontroll bör provtagningen ske i den omfattning som visar effekten av vidtagna åtgärder på ett pålitligt sätt. För malet kött föreskrivs Totala antalet aeroba bakterier och E. coli som processhygienkriterier (EU 2005). Salmonella definieras som livsmedelssäkerhetskriterium. Dessa kriterier gäller även malet kött av vildsvin.

E. coli

E. coli används som indikator för fekal förorening (EU 2005). Som processhygienkriterium innebär det att i en provtagningsplan av malet kött ska fem enheter tas ut och analyseras vid slutet av tillverkningsprocessen. Analysresultatet för E. coli bör inte överskrida 50 CFU/g (m) för fler än två provenheter som i sin tur maximalt bör innehålla halter motsvarande 500 CFU/g (M). Som korrigerande åtgärd om detta inte uppfylls bör livsmedelsföretagaren utföra förbättringar i processhygienen samt förbättringar i urval och/eller ursprung av råvaror. Detta gäller även för råvaran från skjutna vildsvin.

Antibiotikaresistenta bakterier

Indikatorbakterier

Inom resistensövervakning undersöks ofta resistens hos E. coli och enterokocker från slumpmässigt valda friska djur. Resultaten anses indikera hur användning av olika antibiotika över tid samt spridning av resistenta bakterier påverkar resistens hos djurpopulationens normala bakterieflora. Därför används ofta begreppet indikatorbakterier för denna typ av undersökning. Normalfloran anses utgöra en reservoar för resistensgener som på olika sätt kan spridas till andra bakterier hos djur och människor.

Extended Spectrum Beta-Lactamase (ESBL)-bildande E. coli

Antibiotikaresistenta bakterier kan finnas i mag-tarmkanalen hos livsmedelsproducerande djur och vid slakt kan bakterierna föras över till köttet. Vid vidare hantering av köttet kan sedan bakterierna spridas till människor. ESBL-bildande E. coli kan orsaka svårbehandlade infektioner och problemet ökar snabbt i både Sverige och i andra länder. Bakterierna är resistenta mot tredje och fjärde generationens cefalosporiner och kan förekomma på kött. Det gör att vi sannolikt exponeras för E. coli och andra tarmbakterier med ESBL via animaliska livsmedel, men att vi sällan blir sjuka av dessa. De bakterier som hittats på kött har dock oftast inte varit av samma typ som de som hittats hos människa (Livsmedelsverket 2016).

Förekomsten av ESBL-bildande E. coli hos svenska livsmedelsproducerande djur är mycket låg (Swedres-Svarm 2023). Ett särskilt allvarligt hot är utvecklingen av en variant av ESBL som kallas $ESBL_{CARBA}$ som förutom penicilliner och cefalosporiner också bryter ner karbapenemer, som är ett av de sista behandlingsalternativen vid bakteriella infektioner. Tarmbakterier med $ESBL_{CARBA}$ har isolerats från djur och i livsmedel inom och utanför EU, men dessa har inte påvisats i livsmedel på den svenska marknaden eller hos livsmedelsproducerande djur i Sverige (Swedres-Svarm 2023).

Material och metoder

Provtagning

Provtagningen utfördes mellan juni 2023 och november 2024. Majoriteten av proverna för analys av bakterier skickades in av vilthanterings- och malet kött-anläggningar i fryst tillstånd i transportboxar utskickade för ändamålet av Livsmedelsverket. Livsmedelsverkets personal köpte även in frysta prover i lokala livsmedelsaffärer i Uppsala och REKO-ringar. Transport till laboratoriet skedde under kylförvaring i avsedda transportboxar även för dessa prover. Alla prover var från olika tillverkningssatser.

Vid ankomst till Livsmedelsverkets mikrobiologiska laboratorium registrerades provets skick. Provet skulle vara fryst vid ankomst. Om detta inte var uppfyllt kasserades provet. Prover som var frysta vid ankomst förvarades i frys (-20 °C) för senare analys. Innan analys tinades proverna i kyl (3 ± 2 °C) i max ett dygn innan analysstart.

För hepatit E virus analyserades serumprover som erhölls från Statens veterinärmedicinska anstalt (SVA). Jägare har skickat in, löpande under flera år, blod från skjutna frilevande vildsvin i syfte att övervaka smittsamma sjukdomar samt för att användas i forskningsprojekt (SVA 2025). Vi fick ta del av serumprover från denna övervakning från åren 2020 – 2023, sammanlagt 328 prover.

Analys

Provberedning

Det provtagna malda köttet vägdes upp i portioner om 25 g för alla analyser utom för E. coli där 50 g analyserades. I övrigt hanterades proven enligt Livsmedelsverkets instruktion för provhantering av mikrobiologiska prov, SLV-i144.2.

Hepatit E virus

Nukleinsyra extraherades från 118 – 145 µl serum enligt Livsmedelsverkets metod SLV-i382. RT-PCR utfördes med TaqPath 1-Step RT-qPCR Master Mix genom UNG inkubering vid 37°C i 2 min, RT 50 °C i 15 min, polymerasaktivering 95 °C i 2 min, amplifiering 65 °C i 3 s följt av 60 °C i 30 s i 45x cykler. Forwardprimern HEV F (5'-GGTGGTTTCTGGGGTGAC-3') och reverseprimern HEV R (5'- AGGGGTTGGTTGGATGAATATAG-3') (Jothikumar et al, 2006) användes tillsammans med proben HEV P ([FAM]-TGATTCTCAGCCCTTCGC-[MGB][NFQ]) (Jothikumar et al. 2006; Garsom et al, 2012).

Salmonella

25 g prov blandades med 225 ml BPV och homogeniserades med stomacher. Efter anrikning vid 41,5 °C i 8–16 timmar utfördes en extraktion av genomiskt DNA följt av detektion med realtids-PCR för Salmonella spp. med hjälp av IQ-check Salmonella II kit enligt tillverkarens instruktion av standardprotokoll I (SLV-m281). Vid positiv PCR-detektion för Salmonella spp. utfördes försök med isolering enligt SLV-m314 baserat på ISO 6579–1:2017. Kortfattat innebar det att

anrikningsbuljongen ympades till Muller-Kauffmann tetrathionat-novobiocin broth (MKTTn broth) buljong som inkuberades vid 37 °C i 21–27 timmar samt droppades på Modified Semi-solid Rappaport-Vassiliadis (MSRV)-agar som inkuberades vid 41,5 °C i 21–27 timmar. Efter inkubering av det selektiva anrikningsmediet gjordes utstryk på Brilliant-grön (BG) modified-agar och Xylose Lysine Deoxycholate (XLD) agar och inkuberades vid 37 °C i 21–27 timmar. Isolat konfirmerades biokemiskt med API 20E och serologiskt med polyvalent O- och H-antisera, samt typades på SVA.

STEC

Detektion av STEC utfördes med avsteg från Livsmedelsverkets metod, SLV-m243. Den baseras på en teknisk specifikation från ISO, ISO/TS 13136:2012, med avsteg då analys av serogrupperinte genomfördes i samband med screening av anrikningsbuljong. Prov om 25 g homogeniserades med 225 ml buffrat peptonvatten (BPV) och inkuberades vid 37 °C i 18 - 24 timmar. Extraktion av genomiskt DNA utfördes genom att 200 µl från anrikningsbuljong extraherades med BioRobot EZ1. Detektion av generna för shigatoxinerna, *stx1, stx2,* intimin-genen *eae* enligt ISO/TS 13136:2012 samt *stx2f* utfördes med realtids-PCR. Vid detektion av *stx1 eller stx2*-gener gjordes försök till isolering med både direktutstryk och utstryk efterbehandling med syra. Utstryken gjordes på modified Rainbow agar (mRBA) och Tryptone bile X-glucoronide agar (TBX). Konfirmering av typiska isolat utfördes från primärstryk, poolning och renstryk med realtids-PCR.

Yersinia enterocolitica och Y. pseudotuberculosis

Detektion av Yersinia utfördes enligt en modifierad version av SLV-m249, baserad på NMKL 117 – 2022 och ISO/TS 18867:2015. Modifieringarna bestod av en förkortad inkuberingstid för preanrikning (18–24 timmar istället för 40–48 timmar) samt en koncentration av kaliumhydroxid på 0,25 % istället för 0,5 %. Utöver Y. enterocolitica analyserades även Y. pseudotuberculosis på samma sätt med en annan primer- och probeuppsättning mot ail i Y. pseudotuberculosis. Analysen utfördes genom att 25g prov homogeniserades med 225 ml Irgasan Ticarcillin Chlorate- (ITC) buljong och inkuberades 18–24 timmar vid 25 °C. Extraktion av genomiskt DNA utfördes genom att 200 µl från anrikningsbuljong extraherades med BioRobot EZ1. Detektion av viluensgenen *ail* i Y.enterocolitica respektive Y. pseudotuberculosis utfördes med realtids-PCR. Vid detektion i buljongen gjordes både direktutstryk samt utstryk efter en kaliumhydroxid-behandling (0,25 % KOH) i 15 sekunder på Cefsulodin-Irgasan-Novobiocin-agar (CIN-agar). Konfirmering av typiska kolonier utfördes med ny realtids-PCR-analys från koklysat.

E. coli

För att analysera E. coli användes Chromocult® Coliform ES (Enhanced Selectivity) agar med kvantifieringsnivån 10 CFU/g. Kortfattat innebar det att 50 g prov homogeniserades i 450 ml peptonvatten (PV). Från lämpliga spädningar tillsattes 1 ml homogenat till en tom petriskål och därefter tillsattes ca 15 ml tempererad agar (45-50 °C). Plattorna inkuberades vid 35-37 °C i 23-25 timmar. De flesta E. coli producerar både ß-D-galaktosidas och ß-D-glukoronidas och de avlästes som mörkblå till mörkt lila kolonier. Det finns undantag, då 3-4 procent av E. coli (t.ex. E. coli O157) är ß-D-glukuronidas negativa och växer som lax-färgade till röda kolonier på Chromocult, dessa exkluderades vid analysen. Misstänkta kolonier konfirmerades på TBX-agar.

Resistensundersökning

Isolat av E. coli resistensundersöktes med mikrodilutionsmetod i katjonjusterad Mueller-Hinton buljong på paneler från Thermo SCIENTIFIC Trek diagnostics systems (Sensititre) enligt rekommendationer från CLSI (Clinical and Laboratory Standards Institute). Förekomst av resistens utvärderades med hjälp av epidemiologiska brytpunkter (ECOFF) från European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST). I de fall sådana brytpunkter saknades användes de brytpunkter som gäller i den harmoniserade resistensövervakningen i EU (Implementing Decision 2020/1729/EU med tillägg). Inkluderade antibiotika och brytpunkter (mg/L) var amikacin (>8), ampicillin (>8), azitromycin (>16), cefotaxim (>0.25), ceftazidim (>1), ciprofloxacin (>0.06), gentamicin (>2), kloramfenicol (>16), kolistin (>2), meropenem (>0.12), nalidixicansyra (>8), sulfametoxazol (>64), tetracyklin (>8), tigecyklin (>0.5) och trimetoprim (>2).

ESBL-bildande E. coli

En förenklad version av EURL-AR, 2017 utfördes med endast ett substrat. Analysen utfördes genom att 25 g prov homogeniserades tillsammans med 225 ml BPV och inkuberades vid 37 °C i 18-22 timmar. Anrikningsbuljongen ströks sedan på MacConkey (MAC) agar innehållande 1 mg/L cefotaxim. Plattorna inkuberades vid 44 °C. Misstänkta ESBL skulle skickas för typning till SVA.

Resultat

Sjukdomsframkallande mikroorganismer

Sammanlagt samlades 144 prover av malet kött av vildsvin in. Salmonella isolerades från nio prover (6 %). Sex av dessa var S. Choleraesuis (ST 145) och tre S. Newport (ST 166). I 91 (63 %) av proverna kunde STEC detekteras med hjälp av PCR-analys för generna *stx1, stx2* och/eller *stx2f* samt *eae* i anrikningsbuljongen. Totalt isolerades STEC från 14 (10 %) av proverna (tabell 1) vilket ger en isoleringsfrekvens på 15 %. Som STEC-positivt prov räknas endast prov varifrån STEC isolerats. Ingen vidare typning har gjorts av isolaten än, men planeras för att kunna göra en riskklassificering enligt Livsmedelsverket (2022). Yersinia *ail* påvisades i anrikningsbuljongen i 58 prover (40 %) och Yersinia enterocolitica isolerades från tio (6,9 %) (tabell 1). Ingen vidare typning av Yersiniaisolaten har gjorts än.

Tabell 1. Fynd av Salmonella, Shigatoxinproducerande E. coli (STEC), Yersinia, ESBL-producerande E. coli i malet kött från vildsvin (n = 144) samt Hepatit E virus (HEV) i serum från skjutna vildsvin (n = 328)

Organism	Positiva prov (n = 144[a])	Procent positiva (95 % konfidensintervall)
Salmonella spp.	9	6,2 (2,9 – 11,5)
STEC	14	9,7 (5,4 – 15,8)
Yersinia enterocolitica (ail)	58	40 (32 – 49)
Yersinia pseudotuberculosis (ail)	9	6,2 (2,9 – 11,5)
Yersinia enterocolitica (isolat)	10	6,9 (3,4 – 12)
ESBL-producerande E. coli	0	0 (0 – 2,5)[b]
Hepatit E virus	8[a]	2,4 (1,1 – 4,7)

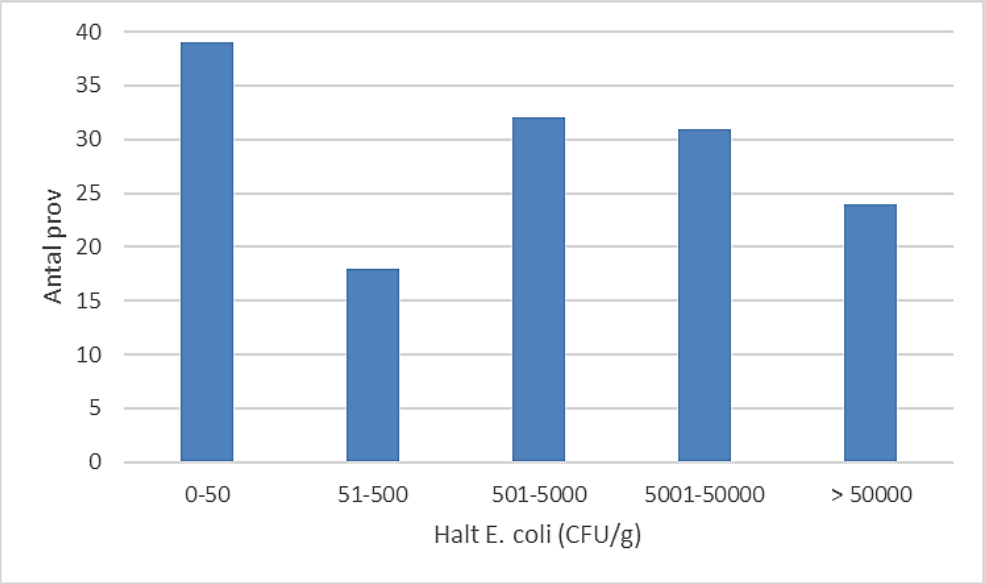
[a] För hepatit E virus analyserades 328 prover; [b] Övre 97,5 % i en ensidig fördelning

För Hepatit E virus erhölls 328 serumprover tagna från vildsvin skjutna mellan 2020 och 2023. Av dessa var 157 klassade som vuxna, 138 årsungar medan information saknades för 33 stycken. Av de åtta positiva proverna (2,4 %, tabell 1) var fem från årsungar (3,6 %; 95 % KI 1,2 – 8,3). Flest prover inkom från Örebro (n = 77), Hallands (n = 45) och Uppsala län (n = 41). Ingen subgenotypning har utförts, men i en tidigare studie påvisades framför allt HEV3f hos svenska vildsvin (Widén et al. 2011).

E. coli

Totalt påvisades E. coli med kvantifieringsnivå över 10 CFU/g i 110 (76 %) prover. Med avseende på processhygienkriterier ska tre enheter av fem ligga under 50 CFU/g (m) medan de övriga två får innehålla som mest 500 CFU/g (M) (EU 2005). I denna kartläggning analyserades dock varje prov som en enhet. Det visade sig att 57 av 144 (40 %[3]) prover innehöll E. coli i halter upp till max 500 CFU/g; 24 prover innehöll > 50 000 CFU/g (figur 1), som mest räknades 365 000 CFU/g. Från ett av de två prover med högst halt kunde alla de tre bakteriella patogenerna (Salmonella, STEC och Yersinia) isoleras (data visas inte). Salmonella kunde inte påvisas i något prov med E. coli-halter under 500 CFU/g (figur 2a). Även Yersinia PCR-positiva prover var signifikant förknippade med fekal förorening (figur 2b) medan detta samband inte kunde påvisas för STEC (figur 2c) eller isolerade Yersinia (figur 2d).

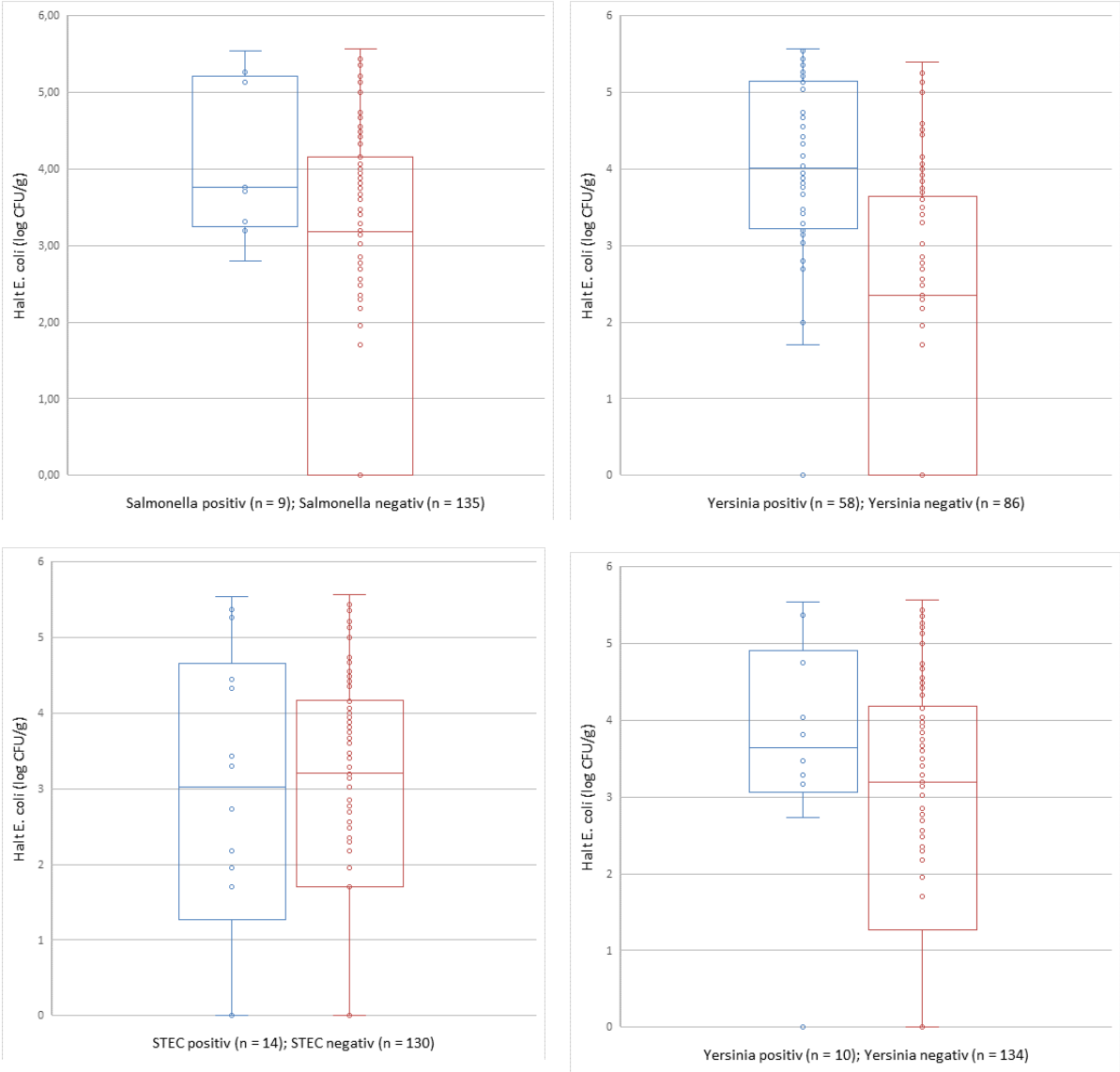
Från negativa prover (E. coli <10 CFU/g) isolerades STEC från tre och Y. enterocolitica från ett medan Yersinia-DNA (*ail*) kunde påvisas i två (data visas inte). ESBL-producerande E. coli kunde inte påvisas i något prov (tabell 1). Ett E. coli-isolat per positivt prov (n=110) har resistensundersökts vid SVA. Av de 110 isolat som undersöktes var 107 (97%) känsliga för alla de substanser de testades för (figur 3). Bland de övriga tre isolat var två resistenta mot en substans vardera (amikacin respektive trimetoprim) och ett mot två substanser (tetracyklin och sulfametoxazol). Resultaten kommer även att publiceras i nästa upplaga av Swedres-Svarm[4].



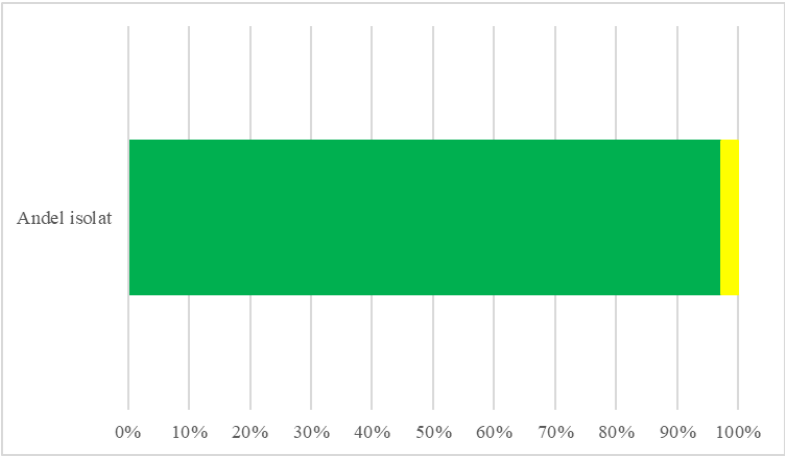
Figur 1. Antal prover med E. coli uppdelat i klasser baserat på halt (CFU/g).

[3] Som jämförelse var 75 % av proverna otillfredställande i Kontrollprojekt av malet kött av vildsvin (Dnr 2024/01721) analyserat enligt processhygienkriterium för E. coli

[4] Swedres-Svarm redovisar antibiotikaanvändning och resistensläge inom djur- och humanvården i Sverige. Rapporten ges ut årligen i ett samarbete mellan Folkhälsomyndigheten och Statens veterinärmedicinska anstalt (SVA)



Figur 2 a-d. Halten E. coli (log CFU/g) i prover positiva (blå) samt negativa (röda) för Salmonella (a), Yersinia PCR (b), Shigatoxinproducerande E. coli (STEC) (c) och Yersinia isolat (d)



Figur 3. Andel isolat av E. coli med resistens mot 0 (grönt), 1-2 (gult) eller 3 eller fler substanser (rött)

Diskussion

Hepatit E virus

Hepatit E virus kunde påvisas i åtta av 328 prover, vilket motsvarar en förekomst på under 3 % med aktiv infektion i den svenska vildsvinspopulationen (tabell 1). Dock kan virus utsöndras via avföring och kolonisera levern i flera veckor efter avklingad viremi (Bouwknegt et al. 2009). Hos tamsvin uppskattades förekomsten vara som högst hos kultingar 2 - 4 månader (40 %) när skyddet från suggans antikroppar har försvunnit, för att avta och ligga runt 3 % vid tiden för slakt (Livsmedelsverket 2019b). Förekomst av virus i blod hos äldre djur tyder dock på att äldre vildsvin kan infekteras på nytt och att smittan cirkulerar i populationen. Förekomsten i denna kartläggning var något lägre än i Widén (2011) vilket kan bero på vissa metodskillnader eller att proverna hade förvarats under en längre tid innan analys. Blod är inte den mest känsliga matrisen för detektion av virus utan högst halter brukar påvisas i lever och/eller avföring där även viruset kan finnas kvar och utsöndras under en period efter avklingad viremi (Bouwknegt et al. 2009; Salines et al. 2015).

HEV inaktiveras av värme, men inte i samma utsträckning som de bakteriella patogenerna. Det sker endast en marginell inaktivering vid andra processer såsom fermentering, frysning, kallrökning eller torkning vilka inte minskar halten av infektiösa HEV i livsmedel i särskilt stor utsträckning. Konsumtion av kallrökta korvar har i fler studier förknippats med fall av HEV hos människa (Livsmedelsverket 2019b). Bedömningen är att förekomsten av HEV i vildsvin ungefär motsvarar den i slaktsvin.

Salmonella

Salmonella påvisades i nio prover (6,2 %), vilket kan anses vara förväntat med tanke på förekomsten av salmonella i provtagna fällda vildsvin (SVA 2025). Salmonella ska dock inte förekomma i malet kött som livsmedelssäkerhetskriterium (EU 2005) men i och med att smittan finns i populationen är det ofrånkomligt att den även kan komma in i livsmedelskedjan då skottets placering kan söndra tarmarna och att det kan vara utmanande att ta ut mag-tarmpaketet utan förorening i fält (Needham et al. 2023). Förekomsten i malet kött var signifikant förknippad med fekal förorening och salmonella påvisades inte i något prov med E. coli-halter under 500 CFU/g (figur 2a). Sex av nio prover utgjordes av den till gris värdanpassade serotypen S. Choleraesuis. Övriga tre positiva prover utgjordes av S. Newport. S. Choleraesuis kan oftare, i jämförelse med många andra serotyper, orsaka invasiv salmonellos hos människa vilken kan kräva behandling och ibland även sjukhusvård. Dock rapporteras i nuläget få humanfall med S. Choleraesuis i Sverige och EU (Folkhälsomyndigheten 2025; EFSA & ECDC 2024). Om S. Choleraesuis sprids i vildsvinspopulationen och konsumtionen av vildsvinskött ökar, kan dock antalet humanfall förväntas öka. Det kommer även förekomma ökad exponering för konsumenter i känsliga riskgrupper i större omfattning om målet med vildsvinskött i offentliga måltider ökar. För mer information om S. Choleraesuis se Livsmedelsverket (2020).

Shigatoxinproducerande E. coli (STEC)

Hela 68 % av anrikningsbuljongerna innehöll kombinationer av gener som indikerade förekomst av STEC. Dock kunde STEC endast isoleras från 14 (10 %) av proverna. Dessa är ännu inte sekvenserade, men sannolikt utgörs de av stammar som producerar Stx2e baserat på studier på gris och

vildsvin. Stx2e-producerande stammar orsakar i de flesta fall mindre allvarlig sjukdom hos människa, i regel okomplicerade diarréer som är självläkande (Ercoli et al. 2015; Martin & Beutin 2011). Innan typningen är genomförd kan vi inte säga något om vilka E. coli serogrupper isolaten tillhör. Vanligt förekommande serotyper i anrikningsbuljongerna var O103, O104, O121, O157 och O26 (data visas inte). Ödemsjuka hos gris i Sverige orsakas däremot oftast av serotyperna O139, O138, O141 och O157 (SVA 2025).

Isoleringsfrekvensen av STEC från de positiva anrikningsbuljongerna var 15 % vilket är jämförbart med förekomststudier i opastöriserad mjölk och ost gjord på opastöriserad mjölk (Giacometti et al. 2013; Marozzi et al. 2016; Vernozy-Rozand et al. 2005). Däremot är den betydligt lägre än i kartläggningen av förekomst av STEC på lammkött som var 74 % (Livsmedelsverket 2019). Detta kan bero på att en annan, mindre känslig, metod har använts i denna studie. Det kan även vara så att STEC inte var förekommande i proverna då vildsvin och grisar inte ses som en reservoar för humanpatogena STEC i samma utsträckning som idisslare (Zhang et al. 2021). Dessutom var det höga halter E. coli i en stor andel av proverna (se vidare nedan) vilket kan försvåra analysen av STEC och bedömningen är att den påvisade förekomsten (9,7 %) är en underskattning.

Yersinia

Den höga förekomsten av Yersinia hos vildsvin (Sannö 2018) bekräftades i denna kartläggning av malet kött av vildsvin. I 40 % av proverna kunde *ail*-genen, som är förknippad med patogena stammar, detekteras. *Ail* sitter dock på kromosomen och kan förekomma även hos apatogena, eller mindre virulenta stammar. Vidare typning är därför nödvändig för att kunna karaktärisera risken. Y. enterocolitica kunde dock endast isoleras från 10 (6,9 %) av proverna vilket bekräftar svårigheten att påvisa dessa långsamväxande bakterier i komplexa matriser med hög mikrobiologisk bakgrundsflora (Petsios et al 2016). Medan PCR-positiva prover var signifikant vanligare i proverna med hög fekal förorening (figur 2b) kunde inte detta samband ses för prover från vilka Yersinia isolerades (figur 2d). Den höga bakgrundsfloran i många prover, indikerat av höga halter E. coli (se vidare nedan) försvårar isolering av Yersinia samt, kan åt andra hållet, leda till falskpositiva svar med PCR om specificiteten för primrarna inte är tillräckligt hög utan liknande gener i bakgrundsfloran amplifieras. Att inkludera fler gener som är associerade med patogenicitet, till exempel virulensplasmiden pYV, *ystA* som kodar för ett enterotoxin eller *yadA* som kodar för ett adhesin skulle potentiellt kunna öka specificiteten i analysen (Petsios et al., 2016). Det är dock av stor vikt att typa de få isolat som finns för att kunna göra en bedömning av andelen som är patogena samt för att jämföra med kliniska isolat. I Sannö (2018) var minst två av tio typade stammar patogena. Slaktsvin är ansedda att var friska bärare av Y. enterocolitica där bakterien förekommer i munhålan (tunga och tonsiller) och lymfkörtlar för att utsöndras intermittent i avföringen (van Damme et al. 2015). Sannö (2018) detekterade oftast Yersinia i tonsillerna på vildsvin vilket också har rapporterats av Altissimi et al. (2023). Förekomsten av Yersinia i tamgris har lett till mer riskbaserad köttbesiktning med enbart okulär besiktning sedan 2014 (EU 2014).

E. coli

Förekomsten av den fekala indikatorn E. coli visade på många förorenade prover (figur 1). E. coli påvisades i majoriteten av proverna och i 60 % av proverna överskreds 500 CFU/g. Processhygienkriterierna gäller dock inte produkter som har släppts ut på marknaden utan ska ingå

som en del av verifieringen i ett HACCP-förfarande (EU 2005). Som jämförelse, i kartläggningen av bakterier på lammkött påvisades E. coli i 11 % av proverna på malet kött, och den högsta uppmätta halten var 100 CFU/g (Livsmedelsverket 2019c). Ett kritiskt moment där köttet riskerar att kontamineras med tarminnehåll är i första hand vid skottets placering och därefter vid urtagning av mag-tarmpaket. Detta kan vara svårt att utföra rent och hygieniskt i fält (Needham et al. 2023).

Salmonella och Yersina (detekterat med PCR), förekom oftare i prover med fler E. coli (figur 2a, b). Detta samband saknades dock för STEC (figur 2c) och Yersinia isolat (figur 2d) och sannolikt är förekomsten av dessa två patogener underskattad då de vanligtvis är förknippade med fekal förorening och den höga bakteriella bakgrundsfloran försvårat isoleringen. Däremot påvisades inga ESBL-bildande E. coli. Förekomsten av resistenta bakterier hos vilda djur såsom fåglar och vildsvin har föreslagits som en indikator för resistensnivåerna i miljön (Bonnedahl & Järhult 2014; Mercato et al. 2022). I en italiensk studie isolerades ESBL-bildande E. coli från 16 av 60 provtagna vildsvin (23 %; Mercato et al. 2022). Med tanke på den lägre svenska förekomsten i vildsvin bekräftas den relativt fördelaktiga svenska situationen med avseende på resistens i miljön med mindre ”spillover” från människor och livsmedelsproducerande djur och gödsel till den vilda djurpopulationen. I den italienska studien provtogs däremot lymfnoder och avföring efter urtagning av vildsvinen, vilket troligtvis är en känsligare metod än analys av malet kött av vildsvin.

Som ytterligare indikation på resistensläget i vildsvinspopulationen, och indirekt i miljön, har SVA analyserat en E. coli från varje positivt prov (n = 110) med avseende på resistens mot 15 olika substanser. Av de 110 isolaten var 107 (97 %) känsliga för alla undersökta substanser. Detta är jämförbart med resultaten bland nötkreatur under ett år men bättre än bland andra livsmedelsproducerande djur i Sverige (Swedres-Svarm 2023).

Andra patogener

Vid sidan av de patogener som har ingått i kartläggningsstudien kan bland annat parasiter som trikiner och Toxoplasma gondii förekomma hos vildsvin och spridas genom konsumtion av otillräckligt tillagat kött. Trikinkontrollen inom det kommersiella flödet via VHA är del av den officiella köttbesiktningen (EU 2015). Den obligatoriska trikintestningen för flöden från jägare direkt till konsument eller via en detaljhandelsanläggning regleras i en nationell lagstiftning sedan 2024 (LIVSFS 2024). För den enskilde jägaren som jagar för sitt eget hushåll förespråkas provtagning, som finansieras av statliga medel via Livsmedelsverket. Livsmedelsverket har genomfört en riskvärdering och bedömt risken för human smitta för provtaget kött som mycket låg (Livsmedelsverket 2017).

Förekomsten av T. gondii hos svenska vildsvin var 34 % hos unga djur samt 55 % hos vuxna (> 12 månader) baserat på serumprover insamlade mellan 2005 och 2011. En större andel av vildsvinen i södra Sverige (65 %) var infekterade än i andra delar av landet (29 – 45 %) (Wallander et al. 2015). T. gondii är, liksom de flesta trikinarterna, dock känsliga för frysning (Livsmedelsverket 2019a). Produkter såsom kallrökta och eller torkade korvar gjorda på icke upphettat eller nedfryst kött kan däremot innehålla infektionsdugliga vävnadscystor även om salthalten har en inaktiverande effekt på dem (Livsmedelsverket 2019a).

Slutsatser

Förekomsten av olika faror i malet kött från vildsvin kan bara uppskattas grovt på grund av metodproblem och hög bakgrundsmikrobiota, men alla faror kunde detekteras i större eller mindre omfattning. Det är däremot svårt att bedöma risken för fler av dessa faror innan vidare typning av isolat har utförts.

- HEV förekom i 2,4 % av provtagna vildsvin vilket är i nivå med den uppskattade förekomsten i tamgris vid tid för slakt. Påvisade HEV utgörs troligen av HEV3. Vidare typning kan vara av vikt för att jämföra med kliniska isolat men inte nödvändigt med avseende på risk.

- Salmonella påvisades i nio (6,2 %) prover av malet kött, vilket motsvarar en förväntad förekomst med tanke på den förekomst som påvisats hos vildsvin i SVAs övervakning. Salmonella ska dock inte förekomma i malet kött som livsmedelssäkerhetskriterium (EU 2005). Sex av nio prover typades till S. Choleraesuis som i större utsträckning orsakar invasiv sjukdom hos människa och gris än flertalet andra serotyper.

- STEC kunde isoleras från 10 % av proverna vilket bedöms som en underskattning; 63 % av proven bedömdes som presumptivt positiva (PCR-positiv anrikningsbuljong för *stx1*, *stx2* och/eller *stx2f* samt *eae*), vilket bedöms som en överskattning. För att kunna riskbedöma STEC behöver isolaten sekvenseras; mest troligt är stammarna Stx2e-producerande, vilka bedöms i den lägsta riskklassen av STEC och som sällan orsakar allvarlig sjukdom hos människa.

- En hög andel av proverna (40 %) var positiva för Y. enterocolitica (detektion av *ail* i anrikningsbuljongen) medan Y. pseudotuberculosis *ail* detekterades i 6,2 %. Vidare kunde Y. enterocolitica isoleras från 6,9 % av proverna. Även isolaten av Y. enterocolitica bör typas för att se hur stor andel som utgörs av sekvens-/bioserotyper som påvisats hos kliniska humanfall.

- En stor andel av proverna var fekalt förorenade, E. coli påvisades i halter > 500 CFU/g i 60 % av dem. Proverna analyserades dock inte enligt processhygienkriterierna (EU 2005), men baserat på spridningen är det med stor sannolikhet så att ett flertal anläggningar skulle har svårt att leva upp till dem. Vidare var den fekala föroreningen förknippad med i) högre förekomst av Salmonella och Yersinia (PCR-detektion av *ail*) samt ii) svårigheter att isolera STEC och Yersinia.

- Resistensnivån på indikatorbakterier isolerade från malet kött från svenska vildsvin är mycket låg vilket tyder på ett lågt selektionstryck från miljön vildsvinen lever i.

Det finns behov av utbildning av jägare, t.ex. med avseende på hygieniskt urtag av mag-tarmpaketet för att undvika att köttet kontamineras av tarminnehåll. För konsumenter och personer som jobbar i kök är det av stor vikt att följa Livsmedelsverkets allmänna råd om hygien i köket och att genomsteka malet kött.

Referenser

ALTISSIMI, C., NOÉ-NORDBERG, C. RANUCCI, D. & PAULSEN P. 2023. Presence of Foodborne Bacteria in Wild Boar and Wild Boar Meat—A Literature Survey for the Period 2012–2022. Foods 12: 1689.

BARLOW, R. S, GOBIUS, K. S. & DESMARCHELIER, P. M. 2006. Shiga toxin-producing Escherichia coli in ground beef and lamb cuts: Results of a one-year study. Int J Food Microbiol 111: 1-5.

BAUMLER, A. J., R. M. TSOLIS, T. A. FICHT & L. G. ADAMS (1998). Evolution of host adaptation in Salmonella enterica. Infect Immun 66: 4579–87.

BONNEDAHL, J. & JÄRHULT, J.D. 2014. Antibiotic resistance in wild birds. Ups J Med Sci 119: 113–116.

BOUWKNEGT, M., RUTJES, S. A., REUSKEN, C. B., STOCKHOFE-ZURWIEDEN, N., FRANKENA, K., DE JONG, M. C., DE RODA HUSMAN, A. M. & POEL, W. H. 2009. The course of hepatitis E virus infection in pigs after contact-infection and intravenous inoculation. BMC Vet Res 5: 7.

DALTON, H. R. & IZOPET, J. 2018. Transmission and Epidemiology of Hepatitis E Virus Genotype 3 and 4 Infections. Cold Spring Harb Perspect Med 28: a032144

EFSA 2017. Public health risks associated with hepatitis E virus (HEV) as a food-borne pathogen. EFSA J 15: 4886.

EFSA & ECDC 2024. The European Union One Health 2023 Zoonoses report. EFSA J 22: e9106.

EU 2004a. Europaparlamentets och Rådets förordning (EG) nr 852/2004 av den 29 april 2004 om livsmedelshygien

EU 2004b. Europaparlamentets och Rådets förordning (EG) nr 853/2004 av den 29 april 2004 om fastställande av särskilda hygienregler för livsmedel av animaliskt ursprung.

EU 2005. Kommissionens förordning (EG) nr 2073/2005 av den 15 november 2005 om mikrobiologiska kriterier för livsmedel.

EU 2014. Kommissionens förordning (EU) nr 219/2014 av den 7 mars 2014 om ändring av bilaga I till Europaparlamentets och rådets förordning (EG) nr 854/2004 vad gäller de särskilda kraven för besiktning efter slakt av tamsvin.

EU 2015. Kommissionens genomförandeförordning (EU) 2015/1375 av den 10 augusti 2015 om fastställande av särskilda bestämmelser för offentlig kontroll av trikiner i kött.

FABER, M., ASKAR, M. & STARK, K. 2018. Case-control study on risk factors for acute hepatitis E in Germany, 2012 to 2014. Euro Surveill 23: 17-00469.

FAO & WHO 2018. Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) and food: attribution, characterization, and monitoring. ISSN 1726–5274.

FOLKHÄLSOMYNDIGHETEN 2025. https://www.folkhalsomyndigheten.se, Smittsamma sjukdomar A – Ö.

FORNI, D., CAGLIANI, R., CLERICI, M. & SIRONI, M. 2018. Origin and dispersal of Hepatitis E virus. Emerg Microbes Infect 7: 11.

GARSOM, A, FERNS, R. B., GRANT, P. R., IJAZ, S., NASTOULI, E., SZYPULSKA, R. & TEDDER, R. S. 2012. Minor groove binder modification of widely used TaqMan probe for hepatitis E virus reduces risk of false negative real-time PCR results. J Virol Methods 186: 157 - 60.

GIACOMETTI, F., BONILAURI, P., SERRAINO, A.., PELI A, AMATISTE, S., ARRIGONI, N., BIANCHI, M., BILEI, S., CASONE, G., COMIN, D., DAMINELLI, P., DECASTELLI, L., FUSTINI, M., MION, R., PETRUZZELLI, A., ROSMINI, R., RUGNA, G., TAMBA, M., TONUCCI, F. & BOLZONI, G. 2013. Four year monitoring of foodborne pathogens in raw milk sold by vending machines in Italy. J Food Prot 76: 1902-7.

HOOFNAGLE, J. H., NELSON, K. E. & PURCELL, R. H. 2012. Hepatitis E. N Engl J Med 367: 1237-44.

HUSHÅLLNINGSSÄLLSKAPET 2022. Klimatavtryck av vildsvinskött. Rapport från Hushållningssällskapet Halland och RISE, Research Institutes of Sweden.

JORDBRUKSVERKET 2025. [webb, www.jordbruksverket.se] Access 2025-02-17.

JOTHIKUMAR, N., CROMEANS, T. L., ROBERTSON, B. H., MENG, X. & HILL, V. R. 2006. A broadly reactive one-step real-time RT-PCR assay for rapid and sensitive detection of hepatitis E virus. J Virol Methods 131: 65 - 71.

LE GUERN, A-S., MARTIN, L., SAVIN, C. & CARNIEL, E. 2016. Yersiniosis in France: overview and potential sources of infection. Int J Inf Dis 46: 1 – 7.

LIVSFS 2024. Livsmedelsverkets föreskrifter om jägares leveranser av små mängder vildsvin och kött av vildsvin; LIVSFS 2024:6.

LIVSMEDELSVERKET 2014. Kartläggning av shigatoxinproducerande E.coli (STEC) på nötkött och bladgrönsaker. Livsmedelsverkets rapportserie 2014 nr 22. Uppsala.

LIVSMEDELSVERKET 2016. Riskprofil - Livsmedel som spridningsväg för antibiotikaresistens – andra upplagan. Livsmedelsverkets rapportserie 2016 nr 06. Uppsala.

LIVSMEDELSVERKET 2017. Trikiner i kött E – Riskvärderingsrapport. Livsmedelsverkets rapportserie L 2017 nr 10 del 2. Uppsala.

LIVSMEDELSVERKET 2019a. Livsmedelsburen toxoplasmos – Riskvärderingsrapport. Livsmedelsverkets rapportserie L 2019 nr 14. Uppsala

LIVSMEDELSVERKET 2019b. Livsmedelsburen hepatit E – Riskvärderingsrapport. Livsmedelsverkets rapportserie L 2019 nr 09 del 2. Uppsala.

LIVSMEDELSVERKET 2019c. Kartläggning av bakterier på lammkött från butik. Livsmedelsverkets rapportserie L 2019 nr 04. Uppsala.

LIVSMEDELSVERKET 2021. Risker med att äta kött från vildsvin som är smittade med Salmonella Choleraesuis – Vetenskapligt underlag. Livsmedelsverkets PM 2021. Uppsala.

LIVSMEDELSVERKET 2022. Bedömning av analysresultat vid fynd av shigatoxin-producerande E. coli (stec) i livsmedel - Riskklassificering av varianter av stec. Livsmedelsverkets rapportserie L 2022 nr 07. Uppsala.

LIVSMEDELSVERKET 2025. [webb, www.livsmedelsverket.se]

MANSUY, J. M., SAUNE, K., RECH, H., ABRAVANEL, F., MENGELLE, C., S, L. H., DESTRUEL, F., KAMAR, N. & IZOPET, J. 2015. Seroprevalence in blood donors reveals widespread, multi-source exposure to hepatitis E virus, southern France, October 2011. Euro Surveill, 20: 27-34.

MAROZZI, S., SANTIS, P. D, LOVARI, S., CONDOLEO, R., BILEI, S,. MARCIANÒ, R. & MEZHER, Z. 2016. Prevalence and molecular characterisation of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* in raw milk cheeses from Lazio region, Italy. Ital J Food Safety 5: 4-6.

MARTIN, A. & BEUTIN, L. 2011. Characteristics of Shiga toxin-producing Escherichia coli from meat and milk products of different origins and association with food producing animals as main contamination sources. Int J Food Microbiol 146: 99-104.

MERCATO, A., CORTIMIGLIA, C., ABUALSHA'AR, A. PIAZZA, A., MARCHESINI, F., MILANI, G., BONARDI, S. COCCONCELLI, P.S. & MIGLIAVACCA, R. 2022. Wild Boars as an Indicator of Environmental Spread of ESβL-Producing Escherichia coli. Front Microbiol 13: 838383.

MOOIJ, S. H., HOGEMA, B. M., TULEN, A. D., VAN PELT, W., FRANZ, E., ZAAIJER, H. L., MOLIER, M. & HOFHUIS, A. 2018. Risk factors for hepatitis E virus seropositivity in Dutch blood donors. BMC Infect Dis 18: 173.

MUGHINI-GRAS, L., ANGELONI, G., SALATA, C., VONESCH, N., D'AMICO, W., CAMPAGNA, G., NATALE, A., ZULIANI, F., CEGLIE, L., MONNE, I., VASCELLARI, M., CAPELLO, K., MARTINO, G. DI., INGLESE, N., PALÙ, G., TOMAO, P. & BONFANTI, L. 2017. Hepatitis E virus infection in North Italy: high seroprevalence in swine herds and increased risk for swine workers. Epidemiol Infect 145: 3375-84.

NATURVÅRDSVERKET 2025. [webb, www.naturvardsverket.se] Access 2025-02-17.

NEEDHAM, T., BUREŠ, D., ČERNÝ, J. & HOFFMAN, L.C. 2023. Overview of game meat utilisation challenges and opportunities: A European perspective. Meat Sci 204: 109284.

PALAU, R., BLOOMFIELD, S.J., JENKINS, C. GREIG, D.R., JORGENSEN, F. & MATHER, A.E. 2024. Yersinia enterocolitica biovar 1A: An underappreciated potential pathogen in the food chain. Int J Food Microbiol 412: 110554.

PAVIO, N., DOCEUL, V., BAGDASSARIAN, E. & JOHNE, R. 2017. Recent knowledge on hepatitis E virus in Suidae reservoirs and transmission routes to human. Vet Res 48: 78.

PETSIOS, S., FREDRIKSSON-AHOMAA, M., SAKKAS, H. & PAPADOPOULOU, C. 2016. Conventional and molecular methods used in the detection and subtyping of Yersinia enterocolitica in food. Int J Food Microbiol 237: 55-72.

RUGGERI, F. M., DI BARTOLO, I., PONTERIO, E., ANGELONI, G., TREVISANI, M. & OSTANELLO, F. 2013. Zoonotic transmission of hepatitis E virus in industrialized countries. New Microbiol, 36: 331-44.

SALINES, M., BARNAUD, E., ANDRAUD, M., EONO, F., RENSON, P., BOURRY, O., PAVIO, N. & ROSE, N. 2015. Hepatitis E virus chronic infection of swine co-infected with Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome Virus. Vet Res 46: 55.

SANNÖ, A. 2018. Enteropathogenic Yersinia spp. and Salmonella spp. in Swedish wild boars - The presence and molecular epidemiology. PhD Thesis in Clinical Sciences. Swedish University of Agricultural Sciences. Uppsala.

SOCIALSTYRELSEN 2014. Infektion med EHEC/VTEC - ett nationellt strategidokument.

STEVENS, M. J. A., HORLBOG, J. A., DIETHELM, A., STEPHAN, R. & NÜESCH-INDERBINEN, M. 2024. Yersinia enterocolitica and related species associated with human infections in Switzerland 2019-2023. Infect Genet Evol123: 105652.

SVA 2025. Vildsvin [webb. www.sva.se] Access 2025-02-17.

SWEDRES-SVARM. 2023. Sales of antibiotics and occurrence of antibiotic resistance in Sweden. Solna/Uppsala ISSN2001-7901.

UZZAU, S., D. J. BROWN, T. WALLIS, S. RUBINO, G. LEORI, S. BERNARD, J. CASADESUS, D. J. PLATT & J. E. OLSEN (2000). Host adapted serotypes of Salmonella enterica. Epidemiol Infect 125: 229-55.

VAN DAMME, I., BERKVENS, D., VANANTWERPEN, G., BARÉ, J., HOUF, K., WAUTERS, G. & DE ZUTTER, L. 2015. Contamination of freshly slaughtered pig carcasses with enteropathogenic Yersinia spp.: Distribution, quantification and identification of risk factors. Int J Food Microbiol 204: 33 – 40.

VAN DER EIJK, A. A., PAS, S. D. & DE MAN, R. A. 2017. Hepatitis E virus: A potential threat for patients with liver disease and liver transplantation. Best Pract Res Clin Gastroenterol 31: 143-50.

VERNOZY-ROZAND C, MONTET M. P, BERADIN M, BAVAI C & BEUTIN L. 2005. Isolation and characterization of Shiga toxinproducing *Escherichia coli* strains from raw milk cheeses in France. Lett Appl Microbiol 41: 235–41.

WALLANDER, C., FRÖSSLING, J., VÅGSHOLM, I., UGGLA, A. & LUNDÉN, A. 2015. Toxoplasma gondii seroprevalence in wild boars (Sus scrofa) in Sweden and evaluation of Elisa test performance. Epidemiol Infect 143: 1913-21

WHO. 2025. Hepatitis E [Online]. World Health Organization, Geneva. Available https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/hepatitis-e [Access 2025-02-11; last update 2023-07-20].

WIDEN, F., SUNDQVIST, L., MATYI-TOTH, A., METREVELI, G., BELAK, S., HALLGREN, G. & NORDER, H. 2011. Molecular epidemiology of hepatitis E virus in humans, pigs and wild boars in Sweden. Epidemiol Infect 139: 361-71.

WOLLIN, R. 2007. A study of invasiveness of different Salmonella serovars based on analysis of the Enter-net database. Euro Surveill 12: E070927 070923.

ZHANG, H., YAMAMOTO, E., MURPHY, J., CARRILLO, C & LOCAS, A. 2021. Shiga Toxin–Producing Escherichia coli (STEC) and STEC-Associated Virulence Genes in Raw Ground Pork in Canada. J Food Prot 84: 1956–64.

Livsmedelsverket