

Výskyt netypických zástupců *Mycobacterium tuberculosis* complex v ČR v letech 2013–2024

Prevalence of atypical representatives of Mycobacterium tuberculosis complex in the Czech Republic in 2013–2024

Marie Mikulášová, Jiří Wallenfels

Souhrn • Summary

Tuberkulóza způsobená jinými druhy než *Mycobacterium tuberculosis* je v České republice vzácná. V letech 2013–2024 bylo v ČR identifikováno 7 izolátů *M. africanum*, 1 izolát *M. bovis* a 5 izolátů *M. caprae*. Tento článek hodnotí aktuální situaci tuberkulózy způsobenou jinými členy komplexu *M. tuberculosis* než *M. tuberculosis*.

Tuberculosis (TB) caused by species other than *Mycobacterium tuberculosis* is rare in the Czech Republic. Between 2013 and 2024, 7 isolates of *M. africanum*, 1 isolate of *M. bovis* and 5 isolates of *M. caprae* were identified in the Czech Republic. This article reviews the current situation of tuberculosis caused by members of the *M. tuberculosis* complex (MTBC) other than *M. tuberculosis*.

Zprávy CEM (SZÚ, Praha). 2025; 34(6): 198–203

Klíčová slova: *M. tuberculosis* complex (MTBC), tuberkulóza jako zoonóza, *M. africanum*, *M. bovis*, *M. caprae*

Keywords: *M. tuberculosis* complex (MTBC), zoonotic tuberculosis, *M. africanum*, *M. bovis*, *M. caprae*

Článek volně navazuje na článek Jany Svobodové „Případy tuberkulózy v ČR v letech 2009–2012 vyvolané neobvyklými druhy komplexu *Mycobacterium tuberculosis*“, který byl publikován ve Zprávách CEM [1].

Díky metodám celogenomového sekvenování (WGS) se mění pohled na ***Mycobacterium tuberculosis* complex (MTBC)**. Analýza celogenomových sekvencí ukázala, že typové kmeny druhů *M. tuberculosis*, *M. africanum*, *M. bovis*, *M. caprae*, *M. microti*, *M. pinnipedii*, *M. canettii*, *M. mungi* a *M. orygis* vykazují 99,21–99,92% shodu v DNA, což překračuje běžně akceptované hranice pro rozlišení druhů. Proto bylo navrženo, aby byly tyto druhy považovány za varianty jednoho druhu – *M. tuberculosis*. Bylo doporučeno používat označení „varieta“ (např. *M. tuberculosis* var. *bovis*) pro zachování historických a klinických souvislostí. Přestože jsou tyto druhy geneticky velmi podobné, zachovávají si specifické vlastnosti, jako je hostitelská specificita a geografické rozšíření, což má význam pro diagnostiku a léčbu [2].

Dnešní nomenklatura stále zachovává tradiční dělení MTBC na jednotlivé druhy, které se dále rozlišují na linie

přizpůsobené buď lidem (*M. tuberculosis* a *M. africanum*), nebo zvířatům (*M. bovis*, *M. orygis*, *M. caprae*, *M. microti*, *M. pinnipedii* a další). Bylo zjištěno, že tuberkulóza (TBC) adaptovaná na člověka může sporadicky způsobovat onemocnění u některých zvířat (antropozoonóza, také označována jako reverzní zoonóza) [3] a naopak zvířecí druhy mohou infikovat lidi (zoonóza) [4]. U některých druhů MTBC adaptovaných na zvířata (např. *M. surrictatae*) nebyly dosud hlášeny případy onemocnění u lidí [5]. V posledních letech bylo nově identifikováno několik druhů a linií MTBC, částečně kvůli zvýšenému celosvětovému používání vysoce diskriminačních metod genotypizace. Celogenomové sekvenování pomohlo klasifikovat dříve nesprávně klasifikované nebo nedetekované vzácné kmeny, čímž přispělo k lepšímu pochopení evoluční historie TBC [2].

Každoročně zveřejňované epidemiologické přehledy, vydávané Ústavem zdravotnických informací a statistiky ČR (<https://tbc.uzis.cz/>), uvádějí mimo jiné celkový počet hlášených onemocnění tuberkulózou všech lokalizací v ČR za rok [6, 7, 8], ale údaje o zastoupení jednotlivých druhů MTBC chybí. Tyto případy jsou zahrnuty v celkovém počtu onemocnění tuberkulózou, případy související s *M. bovis* BCG započítány nejsou. Celkový počet hlášených onemocnění je součtem tří kategorií případů: možný, pravděpodobný a definitivní. **Možný případ** zahrnuje situace, kdy nebyl původce onemocnění laboratorně prokázán, avšak byla indikována antituberkulózní léčba. **Pravděpodobný případ** je definován buď pozitivním nálezem mikroskopie, pouze pozitivním výsledkem PCR na MTBC, nebo histologickým vyšetřením svědčícím pro TBC. Tato kategorie zahrnuje

Tabulka 1: Počet hlášených onemocnění TBC celkem, kultivačně pozitivních TBC, počet *Mycobacterium africanum*, *M. caprae* a *M. bovis* v ČR v letech 2013–2024

Rok	hlášená onemocnění TBC		kultivačně pozitivní TBC			<i>M. africanum</i>	<i>M. caprae</i>	<i>M. bovis</i>
	počet	na 100 tis. obyv.	počet	%	na 100 tis. obyv.	počet	počet	počet
2013	502	4,78	348	69,3	3,31	0	1	0
2014	514	4,88	373	72,6	3,54	0	0	0
2015	518	4,91	391	75,5	3,71	3	1	0
2016	517	4,89	380	73,5	3,60	0	1	0
2017	505	4,77	372	73,7	3,51	1	0	0
2018	444	4,18	355	80,0	3,34	1	0	1
2019	464	4,35	371	80,0	3,48	0	0	0
2020	368	3,44	278	75,5	2,60	1 *)	0	0
2021	357	3,40	288	80,7	2,74	0	0	0
2022	383	3,56	310	80,9	2,88	1 *)	0	0
2023	459	4,22	377	82,1	3,47	0	1	0
2024 **)	454	4,17	375	82,6	3,44	0	1	0
celkem	5 485		4 218	76,9		7	5	1

*) u těchto izolátů bude v případě jejich zachovalé vitality provedena WGS

***) data za rok 2024 jsou předběžná dle Registru TBC k 12. 5. 2025

rovněž případy diagnostikované post mortem. **Definitivní případ** je laboratorně potvrzen kultivací s následnou identifikací nebo pozitivitou PCR na MTBC a současně pozitivní mikroskopii. Vzhledem k minimálnímu počtu izolátů MTBC jiných než *M. tuberculosis* a započítávání možných, pravděpodobných a kultivačně neověřených případů nejsou zástupci MTBC mimo *M. tuberculosis* v epidemiologických přehledech uváděni. Kultivačně potvrzené případy ve většině odpovídají incidenci *M. tuberculosis*, který je jednoznačně převládajícím původcem humánní tuberkulózy. Procento kultivačně ověřených případů tuberkulózy se v České republice v letech 2013–2024 zvýšilo ze 69 % na 83 % (viz **tabulka 1**).

Dalším původcem humánní tuberkulózy je *M. africanum*. Je výhradně rozšířeno v západní Africe (Benin, Guinea-Bissau, Gambie, Malí, Sierra Leone, Ghana, Nigérie, Kamerun, Senegal), kde způsobuje až polovinu lidské plicní tuberkulózy [9]. Případy *M. africanum* byly sporadicky zaznamenány i mimo Afriku, například v Evropě a Severní Americe. Tyto případy jsou většinou spojeny s migrací osob z endemických oblastí západní Afriky [10]. Ačkoli existují izolované případy infekce zvířat *M. africanum*, dosud nebyl identifikován žádný významný zvířecí rezervoár tohoto patogenu [9]. Přenos mezi lidmi zůstává hlavní cestou šíření tohoto druhu mykobakterie. U imunokompetentních jedinců je nižší pravděpodobnost progresu do aktivního onemocnění při nákaze *M. africanum* v porovnání s infekcí způsobenou *M. tuberculosis* [10]. *M. africanum* roste výrazně pomaleji než *M. tuberculosis*, na pevných kultivačních médiích, jako je Löwenstein-Jensen, může dorůst až po 10 týdnech [10]. *M. africanum* vykazuje dysgonický růst, kolonie na pevných

mediích jsou nepigmentované, hrubé, matné a krémové většinou s centrálním vyvýšením [11]. Preferuje mikroaerofilní prostředí [9,10]. Většina studií, které zkoumají rezistenci na antituberkulotika, nerozlišuje mezi druhy *M. tuberculosis* a *M. africanum*. V důsledku toho jsou údaje o rezistenci *M. africanum* omezené [12].

Ve sledovaném období bylo všech 7 izolátů *M. africanum* zachyceno u mužských pacientů s plicní formou onemocnění. U jednoho z nich byla diagnostikována také pleurální forma onemocnění. Nejvyšší výskyt byl zaznamenán ve věkové skupině 30–34 let. Všichni muži se narodili mimo území ČR, konkrétně pocházeli z Gambie, Nigérie, Konžské republiky, Guineje-Bissau, Senegal, Finska a Indie. Všichni byli vyšetřeni na HIV; pouze jeden z nich, muž z Nigérie, byl HIV pozitivní. S výjimkou jednoho případu byli všichni evidováni v hlavním městě Praze. Citlivost k antituberkulotikům byla stanovena na streptomycin (STM), isoniazid (INH), rifampicin (RIF), ethambutol (EMB), pyrazinamid (PZA), přičemž všechny izoláty byly hodnoceny jako citlivé. V jednom případě nebyla citlivost testována a u jednoho dalšího byla stanovena citlivost na STM, INH, RIF, EMB s citlivým výsledkem; citlivost k PZA stanovena nebyla. U dvou případů TBC diagnostikovaných u mužů narozených ve Finsku (2020) a v Indii (2022) bude vzhledem k netypické zemi původu, v případě zachování vitality izolátů, provedena identifikace pomocí sekvenování celého genomu (viz **tabulka 2**).

Hlavní příčinou zoonotické tuberkulózy celosvětově je *M. bovis*. *M. caprae* se uplatňuje spíše sporadicky, hlavně v Evropě [13]. Od roku 2012 je původcem tuberkulózy zvířat a lidí uznáváno *M. orygis* [14].

Tabulka 2: Počet kmenů *M. africanum* zachycených v ČR v letech 2013–2024

Rok	pohlaví	věk	země narození	forma onemocnění	citlivost na STM, INH, RIF, EMB, PZA #)	kraj bydliště
2015/1	muž	28	Gambie	TBC plic	C, C, C, C, C	Hlavní město Praha
2015/2 *)	muž	33	Nigérie	TBC plic	neprovedeno	Hlavní město Praha
2015/3	muž	48	Konžská republika	TBC plic, TBC pleury	C, C, C, C, C	Ústecký
2017	muž	44	Guinea-Bissau	TBC plic	C, C, C, C, neprovedeno	Hlavní město Praha
2018	muž	34	Senegal	TBC plic	C, C, C, C, C	Hlavní město Praha
2020 **)	muž	26	Finsko	TBC plic	C, C, C, C, C	Hlavní město Praha
2022 **)	muž	33	Indie	TBC plic	C, C, C, C, C	Hlavní město Praha

#) antituberkulotika: STM – streptomycin, INH – isoniazid, RIF – rifampicin, EMB – ethambutol, PZA – pyrazinamid; C – citlivý, R – rezistentní

*) muž byl HIV pozitivní

***) u těchto izolátů bude v případě jejich zachovalé vitality provedena WGS

Zoonotická TBC způsobená bakterií *M. bovis* se vyskytuje u zvířat ve většině rozvojových zemí, kde dohled a kontrolní opatření jsou často nedostatečné nebo zcela chybí. Preventivní strategie, jako jsou eradikační programy a pasterizace mléka, nejsou v těchto oblastech buď vůbec zaváděny, nebo jsou uplatňovány pouze nesystematicky [15]. Přestože *M. bovis* tvoří jen malou část celkové zátěže tuberkulózy, její dopad na veřejné zdraví je významný. Hlavními cestami přenosu *M. bovis* na člověka jsou konzumace nepasterizovaného mléka a mléčných výrobků, méně často nedostatečně tepelně upravené maso a přímý kontakt s infikovanými zvířaty. Primárním hostitelem je skot, avšak infekce se může vyskytovat i u široké škály domácích a volně žijících zvířat. Tato forma tuberkulózy se u člověka často manifestuje jako mimoplicní onemocnění, a to především v důsledku infekce orální cestou [16].

M. bovis roste pomalu, dysgonicky, v drobných, lesklých, plochých, bezbarvých koloniích, které se na pevných médiích objevují až po devíti týdnech kultivace [1, 11]. Přídavek pyruvátu sodného podporuje jeho růst [17]. Tento druh je přirozeně rezistentní na pyrazinamid, jeden z hlavních léků první linie při léčbě tuberkulózy, což významně komplikuje léčbu [18]. V literatuře byly zaznamenány případy monorezistence *M. bovis* na isoniazid a rifampicin. Popsány byly také kmeny rezistentní na isoniazid a ethionamid [19] či streptomycin [20]. Navíc byla prokázána jak genotypová, tak fenotypová rezistence na isoniazid a rifampicin [18, 21], což splňuje definici multirezistentních (MDR) kmenů. V některých případech byla zaznamenána i rezistence odpovídající kritériím pro extrémně rezistentní (XDR) tuberkulózu [22]. Závažnost problému dokládá případ zachycený v Kanadě, kde byl z lidského vzorku izolován kmen *M. bovis* splňující kritéria XDR [23]. Vývoj MDR a XDR kmenů *M. bovis* představuje závažnou globální hrozbu pro veřejné zdraví, zejména v oblastech, kde je zajištění kontroly zoonotické tuberkulózy a přístup k přesné diagnostice a cílené léčbě omezený.

Eradikace boviní tuberkulózy je v mnoha regionech značně obtížná, především kvůli přítomnosti přirozených rezervoárů nákazy. Tyto rezervoáry zahrnují jak domácí,

tak volně žijící zvířata. K typickým příkladům patří jezevci ve Spojeném království a Irsku [24], divoká prasata a jeleni v Evropě, zejména ve Španělsku [25], vačice na Novém Zélandu [26], africký buvol v Jihoafrické republice [27] a jelen běloocasý či wapiti v Kanadě a USA [28, 29].

Epidemiologická situace infekcí *M. bovis* v Evropě je výrazně heterogenní a vykazuje značné rozdíly mezi jednotlivými státy i regiony. Podle údajů Evropské komise z roku 2023 získalo status území prostého nákazy komplexem *M. tuberculosis* (MTBC – zahrnujícím *M. bovis*, *M. caprae* a *M. tuberculosis*) celkem 17 členských států Evropské unie. Mezi tyto státy patří: Rakousko, Belgie, Česká republika, Dánsko, Estonsko, Finsko, Francie, Německo, Maďarsko, Lotyšsko, Litva, Lucembursko, Nizozemsko, Polsko, Slovensko, Slovinsko a Švédsko. Dalších deset členských států EU spolu se Severním Irskem (Spojené království) bylo v roce 2023 zapojeno do národních programů eradikace. Z toho tři státy - Itálie, Portugalsko a Španělsko - měly některé zóny s oficiálním statusem území prostého nákazy [30].

V roce 2023 představovaly případy zoonotické tuberkulózy 0,35 % z celkového počtu případů tuberkulózy u lidí v zemích Evropské unie. Bylo potvrzeno celkem 138 případů lidské tuberkulózy způsobené *M. bovis* nebo *M. caprae*, což odpovídá míře hlášení 0,04 případu na 100 000 obyvatel [29]. Počet případů u lidí zaznamenaných ve 25 členských státech EU v roce 2023 překročil počet hlášený v roce 2019.

U skotu se v roce 2023 celková prevalence tuberkulózy způsobené *M. bovis* nebo *M. caprae* mírně snížila z 0,61 % (v roce 2022) na 0,57 %. Počet infikovaných stád skotu v EU se snížil z 9 845 na 8 821. Nejvyšší počet nakažených stád *M. bovis* byl v roce 2023 zaznamenan v Irsku, Spojeném království (Severní Irsko), Itálii a Francii [31]. V zemích, kde se členové komplexu *M. tuberculosis* (MTBC) rutinně nedourčují do druhové úrovně, bylo nejvíce infikovaných stád evidováno ve Španělsku, Portugalsku a Řecku. V případě nákazy *M. caprae* byla v roce 2023 nejvyšší prevalence hlášena v Rumunsku, zatímco v Německu a Rakousku se vyskytovala pouze sporadicky [30].

Tabulka 3: Počet kmenů *M. bovis* zachycených v ČR v letech 2013–2024

Rok	pohlaví	věk	země narození	forma onemocnění	citlivost na STM, INH, RIF, EMB, PZA #)	kraj bydliště
2018	žena	84	ČR	TBC plic	C, C, C, C, R	Moravskoslezský

#) antituberkulotika: STM – streptomycin, INH – izoniazid, RIF – rifampicin, EMB – ethambutol, PZA – pyrazinamid; C – citlivý, R – rezistentní

Tabulka 4: Počet kmenů *M. caprae* zachycených v ČR v letech 2013–2024

Rok	pohlaví	věk	země narození	forma onemocnění	rezistence na STM, INH, RIF, EMB, PZA #)	kraj bydliště
2013	žena	77	ČR	TBC plic	C, C, C, C, C	Jihočeský
2015	žena	72	ČR	TBC krční uzliny	C, C, C, C, C	Jihočeský
2016	žena	65	ČR	TBC pleury, TBC nitrohručních uzlin	neprovedeno	Moravskoslezský
2023	žena	78	ČR	TBC pobříšnice, střev	C, C, C, C, C	Jihočeský
2024	muž	79	ČR	TBC pleury	neprovedeno	Středočeský

#) antituberkulotika: STM – streptomycin, INH – izoniazid, RIF – rifampicin, EMB – ethambutol, PZA – pyrazinamid; C – citlivý, R – rezistentní

Po druhé světové válce byly v bývalém Československu zavedeny eradikační programy bovinní tuberkulózy, které vedly k eliminaci tohoto onemocnění v roce 1968 a k jeho úplné eradikaci v roce 1995 [1]. Tomu odpovídá i skutečnost, že v daném období byl zaznamenán pouze jediný případ izolace *M. bovis*. Jednalo se o 84letou ženu s plicní formou onemocnění, u níž byla nákaza pravděpodobně získána před zahájením eradikačního programu. Test citlivosti prokázal zachovanou senzitivitu k antituberkulotikům první linie, zatímco rezistence k pyrazinamidu odpovídala přirozené rezistenci tohoto druhu. Případ byl evidován v Moravskoslezském kraji (viz **tabulka 3**).

M. caprae je původcem tuberkulózy zejména u malých přežvýkavců. Svůj název nese podle koz, z nichž byl tento druh poprvé izolován. *M. caprae* však může infikovat i jiná domácí a volně žijící zvířata, včetně skotu, prasat, jelenů, divokých prasat, a příležitostně také člověka. Před rokem 2003 byl tento druh označován jako *M. bovis* subsp. *caprae*. Na základě genetických a fenotypových rozdílů byl v roce 2003 klasifikován jako samostatný druh [32].

M. caprae je rozšířeno především v kontinentální Evropě. Mimo Evropu byl zaznamenán případ onemocnění v Peru [33], izoláty ze skotu byly zdokumentovány v Tunisku a Alžírsku. V Číně byla popsána izolace *M. caprae* ze soba a ovce [33]. V Kanadě byl zaznamenán záchyt tohoto druhu u muže – chovatele zvířat pocházejícího z Ukrajiny [23].

Skutečný výskyt *M. caprae* je pravděpodobně podhodnocen v důsledku nedostatečné druhové identifikace v běžné diagnostické praxi.

M. caprae vytváří na pevných médiích nepigmentované, hladké, drobné, lesklé kolonie, které obvykle narůstají přibližně po šesti týdnech inkubace. Izoláty *M. caprae* si zpravidla zachovávají citlivost k antituberkulotikům první linie, včetně pyrazinamidu - na rozdíl od *M. bovis*.

V období 2013–2024 bylo zachyceno celkem 5 izolátů *M. caprae*, z toho 4 izoláty pocházely od žen a jeden od muže. Nejvíce případů bylo zaznamenáno ve věkové skupině 75–79 let. Klinické manifestace zahrnovaly plicní

formu tuberkulózy, postižení krční uzliny, tuberkulózu pleury s postižením nitrohručních lymfatických uzlin a v jednom případě také tuberkulózu peritonea a střev. Tato extrapulmonální forma byla diagnostikována u pacientky s revmatoidní artritidou, která byla léčena kortikosteroidy a biologickou terapií (adalimumab – anti-TNF alfa). V tomto případě pravděpodobně došlo k naze orální cestou. Posledním případem byl muž s tuberkulózou pleury. Citlivost na základní antituberkulotika byla testována ve 3 případech, ve všech případech byly izoláty citlivé. Tři izoláty *M. caprae* pocházely z Jihočeského kraje, jeden ze Středočeského kraje a poslední z Moravskoslezského kraje (viz **tabulka 4**).

V roce 2012 byly bacily oryxu přejmenovány na *M. orygis* a bylo navrženo, aby *M. orygis* bylo zařazeno jako poddruh do MTBC [35]. *M. orygis* je původcem tuberkulózy u zvířat a lidí v Africe a jižní Asii [35]. Vzhledem k nedostatku systematického sledování není globální prevalence TBC způsobené *M. orygis* známa [36]. V Indii se onemocnění způsobená *M. orygis* zdála být častější než onemocnění spojená s *M. bovis* [37]. Nález *M. orygis* byl zdokumentován z 14 zemí na 5 kontinentech a u 17 hostitelských druhů [38], což potvrzuje jeho význam jako patogenu zoonotické TBC. Byl hlášen i případ reverzní zoonózy, kdy byl *M. orygis* přenesen od indického imigranta na dojnici na Novém Zélandu [39].

Vyšší četnost infekcí *M. orygis* u žen ve srovnání s *M. tuberculosis* naznačuje možné odlišné rizikové faktory a zdůrazňuje potřebu dalšího výzkumu epidemiologie tohoto onemocnění [39].

M. orygis nelze rozlišit běžně dostupnými komerčními diagnostickými testy. Například test Genotype MTBC *M. orygis* identifikuje jako *M. africanum*, protože *M. orygis* sdílí s *M. africanum* mutaci v genu *gyrB*¹⁴⁵⁰ (G→T). Tuto mutaci mají také *M. microti* a *M. pinnipedii* [35]. *M. orygis* lze dourčit molekulárními metodami, jako je analýza oblastí rozdílů (RD), detekce jednonukleotidových polymorfismů (SNP) a typizace pomocí MIRU-VNTR. Nejvyšší přesnost poskytuje sekvenování celého genomu [37, 39].

M. orygis je pomalu rostoucí [37], na pevných půdách roste v hladkých, mastných, klenutých koloniích bez pigmentu [35]. Většina izolátů *M. orygis* vykazuje obvykle citlivost na antituberkulotika první linie [37, 40]. Byly identifikovány geny rezistence na streptomycin a chinolony, avšak fenotypové testování izolátů nebylo provedeno [40]. Genomová analýza odhalila mutace ve 25 genech spojených s rezistencí na antituberkulotika. U jednoho bovinního izolátu byla prokázána rezistence na ethambutol a kyselinu para-aminosalicylovou (PAS) a nízkou úroveň rezistence na isoniazid, rifampicin, ethionamid, moxifloxacin a klofazimin [41]. Tato zjištění zdůrazňují potenciální riziko *M. orygis* jako nově vznikajícího multirezistentního patogenu s významným dopadem na veřejné zdraví [41].

Na základě dat z Registru tuberkulózy a dostupné literatury dosud nebylo v ČR *M. orygis* izolováno. Vzhledem k tomu, že běžné testy nejsou schopny *M. orygis* správně rozlišit, může docházet k nesprávné identifikaci a tím i k podhodnocení jeho skutečného výskytu [23, 42].

Identifikace *M. orygis* je komplikovaná, současně molekulární diagnostické metody v ČR nejsou schopny tento druh detekovat. Pro přesnou identifikaci je vhodné využít pokročilé molekulární metody, jako je sekvenování celého genomu.

Incidence tuberkulózy v České republice zůstává díky vysokému socioekonomickému standardu a efektivnímu systému veřejného zdraví na nízké úrovni. V roce 2024 bylo hlášeno 454 případů, což odpovídá 4,2 případům na 100 000 obyvatel. Procento kultivačně ověřených případů tuberkulózy v ČR přesahuje 80%. Počet kultivačně pozitivních případů odpovídá infekcím způsobeným *M. tuberculosis*. Nálezy *M. africanum* u pacientů v ČR odrážejí migraci osob ze západní Afriky, kde je tento patogen endemický. Vzhledem k nižší virulenci *M. africanum* ve srovnání s *M. tuberculosis* je riziko jeho šíření v České republice považováno za nízké. Záchyt pěti izolátů *M. caprae* a jednoho izolátu *M. bovis* potvrzuje příznivou epidemiologickou situaci v oblasti bovinní tuberkulózy v ČR. Výskyt *M. caprae* je vázán na evropský region, *M. caprae* zachovává citlivost na antituberkulotika první linie. S ohledem na globální mobilitu osob a zvířat existuje riziko importu rezistentních kmenů, zejména *M. bovis* a *M. orygis*. *M. bovis* je přirozeně rezistentní na pyrazinamid, což komplikuje léčbu u lidí. *M. orygis*, nově identifikovaný člen komplexu *M. tuberculosis*, byl zaznamenán u zvířat i lidí v jižní Asii. Jeho výskyt v Evropě je vzácný, ale import infikovaných zvířat nebo lidí z endemických oblastí může představovat riziko.

Pro zachování příznivé epidemiologické situace v České republice je nezbytné pokračovat v důsledném epidemiologickém dohledu, monitorování rezistence a implementaci pokročilých metod molekulární diagnostiky do rutinní praxe, zejména u importovaných případů tuberkulózy.

LITERATURA

- [1] Svobodová J. Případy tuberkulózy v ČR v letech 2009–2012 vyvolané neobvyklými druhy komplexu *Mycobacterium tuberculosis*. *Zprávy CEM (SZÚ, Praha)*. 2013; 22(1): 12–14
- [2] Riojas MA, McGough KJ, Rider-Riojas CJ, Rastogi N, et al. Phylogenomic analysis of the species of the *Mycobacterium tuberculosis* complex demonstrates that *Mycobacterium africanum*, *Mycobacterium bovis*, *Mycobacterium caprae*, *Mycobacterium microti* and *Mycobacterium pinnipedii* are later heterotypic synonyms of *Mycobacterium tuberculosis*. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2018; 68(1): 324–332
- [3] Dawson KL, Bell A, Kawakami RP, Coley K, et al. Transmission of *Mycobacterium orygis* (*M. tuberculosis* complex species) from a tuberculosis patient to a dairy cow in New Zealand. *J Clin Microbiol*. 2012; 50(9): 3136–3138.
- [4] Woldemariam T, Mohammed T, Zewude A, Chanyalew M, et al. Zoonotic transmission of the *Mycobacterium tuberculosis* complex between cattle and humans in Central Ethiopia. *Front Vet Sci*. 2025; 12: 1527279
- [5] Clarke C, van Helden P, Miller M, Parsons S. Animal-adapted members of the *Mycobacterium tuberculosis* complex endemic to the southern African subregion. *J S Afr Vet Assoc*. 2016; 87(1): a1322
- [6] Ústav zdravotnických informací a statistiky ČR. Základní přehled epidemiologické situace ve výskytu tuberkulózy v České republice v letech 2016–2023 [online]. Praha: ÚZIS ČR, 2017–2024 [cit. 2025-05-12]. Dostupné z: <https://www.uzis.cz/index.php?pg=vystupy--vznamna-temata--tuberkuloza>
- [7] Ústav zdravotnických informací a statistiky ČR. Základní přehled epidemiologické situace ve výskytu tuberkulózy v České republice v letech 2015–2017 [online]. Praha: ÚZIS ČR, 2016–2018 [cit. 2025-05-12]. Dostupné z: <https://www.uzis.cz/index.php?pg=vystupy--vznamna-temata--tuberkuloza>
- [8] Ústav zdravotnických informací a statistiky ČR. Tuberkulóza a respirační nemoci 2013,2014. Praha: ÚZIS ČR; 2014, 2015
- [9] Silva ML, Cá B, Osório NS, Rodrigues PNS, et al. Tuberculosis caused by *Mycobacterium africanum*: Knowns and unknowns. *PLoS Pathog* 2022; 18(5): e1010490
- [10] de Jong BC, Antonio M, Gagneux S. *Mycobacterium africanum*—Review of an Important Cause of Human Tuberculosis in West Africa. *PLoS Negl Trop Dis*.2010; 4(9): e744
- [11] Kolektiv autorů. Doporučené standardní metody v mikrobiologii mykobakteriálních infekcí. Praha: Národní referenční laboratoř pro mykobakterie, Státní zdravotní ústav ve spolupráci s firmou Trios, s. r. o., říjen 1998. 48 s.
- [12] Assam-Assam JP, Penlap VB, Cho-Ngwa F, Tedom JC, et al. *Mycobacterium tuberculosis* complex drug resistance pattern and identification of species causing tuberculosis in the West and Centre regions of Cameroon. *BMC Infectious Diseases*. 2011;11:94. doi:10.1186/1471-2334-11-94
- [13] ArcGIS StoryMaps, 10. 12. 2024 [cit. 14. 5. 2025]. Dostupné z: <https://storymaps.efsa.europa.eu/storymaps/7718e6e0d5d54cef8709c9595ec5cf76>
- [14] van Ingen J, Rahim Z, Mulder A, Boeree MJ, et al. Charakterizace *Mycobacterium orygis* jako poddruhu komplexu *M. tuberculosis*. *Emerging Infectious Diseases*. 2012; 18(4): 653–655
- [15] Cosivi O, Grange JM, Daborn CJ, Raviglione MC, et al. Zoonotic Tuberculosis due to *Mycobacterium bovis* in Developing Countries. *Emerging Infectious Diseases*. 1998; 4(1): 59–70
- [16] Majoor CJ, Magis-Escurra C, van Ingen J, Boeree MJ, et al. Epidemiology of *Mycobacterium bovis* disease in humans, the Netherlands, 1993–2007. *Emerg Infect Dis*. 2011; 17(3): 457–463.

- [17] Romano GE, Silva-Pereira TT, de Melo FM, Sisco MC, *et al.* Unraveling the metabolism of *Mycobacterium caprae* using comparative genomics. *Tuberculosis (Edinb)*. 2022 Sep; 136: 102254. doi:10.1016/j.tube.2022.102254
- [18] Lan Z, Bastos ML, Menzies D. Treatment of human disease due to *Mycobacterium bovis*: a systematic review. *Eur Respir J* 2016; 48(5): 1500–1503
- [19] Pérez de Val B, Romero B, Tórtola MT, Herrera León L, *et al.* Polyresistant *Mycobacterium bovis* infection in human and sympatric sheep, Spain, 2017–2018. *Emerg Infect Dis* 2021; 27(4): 1241–124
- [20] Djemal SE, Camperio C, Armas F, Siala M, *et al.* Detection of a streptomycin-resistant *Mycobacterium bovis* strain through antitubercular drug susceptibility testing of Tunisian *Mycobacterium tuberculosis* complex isolates from cattle. *BMC Vet Res* 2018; 14: 318. doi:10.1186/s12917-018-1623-9
- [21] Sechi LA, Zanetti S, Sanguinetti M, Delogu G, *et al.* Molecular basis of rifampin and isoniazid resistance in *Mycobacterium bovis* strains isolated in Sardinia, Italy. *Antimicrob Agents Chemother*. 2001; 45(6): 1645–1648. doi:10.1128/AAC.45.6.1645-1648.2001
- [22] Soliman NS, Soliman MS, Khairat SM, Gad MA, *et al.* Genetic diversities and drug resistance in *Mycobacterium bovis* isolates from zoonotic tuberculosis using whole genome sequencing. *BMC Genomics*. 2024; 25(1): 1024.ouci.dntb.gov.ua+2
- [23] Riopel ND, Long R, Heffernan C, Tyrrell GJ, *et al.* Characterization of *Mycobacterium orygis*, *Mycobacterium bovis*, and *Mycobacterium caprae* Infections in Humans in Western Canada. *J Infect Dis*. 2024; 230(4): e789–e797. doi:10.1093/infdis/jiae124.
- [24] Cheeseman CL, Wilesmith JW, Stuart FA. Tuberculosis: the disease and its epidemiology in the badger – a review. *Epidemiol Infect* 1989; 103(1): 113–125. doi:10.1017/S0950268800030417. PMID: 2673822; PMCID: PMC2249483.
- [25] LaHue NP, Vicente Baños J, Acevedo P, Gortázar C, *et al.* Spatially explicit modeling of animal tuberculosis at the wildlife-livestock interface in Ciudad Real province, Spain. *Prev Vet Med*. 2016; 128:101–111
- [26] Nugent G, Buddle BM, Knowles G. Epidemiology and control of *Mycobacterium bovis* infection in brushtail possums (*Trichosurus vulpecula*), the primary wildlife host of bovine tuberculosis in New Zealand. *N Z Vet J*. 2015;63(suppl 1): 28–41
- [27] De Vos V, Bengis RG, Kriek NP, Michel A, *et al.* The epidemiology of tuberculosis in free-ranging African buffalo (*Syncerus caffer*) in the Kruger National Park, South Africa. *Onderstepoort J Vet Res*. 2001; 68(2):119–130
- [28] Tsao K, Robbe-Austerman S, Miller RS, Portacci K, *et al.* Sources of bovine tuberculosis in the United States. *Infect Genet Evol*. 2014;28: 137–143. doi:10.1016/j.mee-gid.2014.09.025
- [29] Nishi JS, Shury T, Elkin BT. Wildlife reservoirs for bovine tuberculosis (*Mycobacterium bovis*) in Canada: strategies for management and research. *Vet Microbiol*. 2006;112(2–4):325–338. doi:10.1016/j.vetmic.2005.11.013.
- [30] VISAVET Health Surveillance Centre. *Bovine tuberculosis – European Union Reference Laboratory*. Universidad Complutense de Madrid [online]. Aktualizace 30. 1. 2024 [cit. 20. 5. 2025]. Dostupné z: <https://www.visavet.es/bovintuberculosis/>
- [31] European Food Safety Authority (EFSA). Story map on Zoonotic tuberculosis (*Mycobacterium bovis* and *M. caprae*) [online]. 2024 [cit. 20. 5. 2025]. Dostupné z: <https://storymaps.arcgis.com/stories/7718e6e0d5d54cef8709c9595ec5cf76>
- [32] Aranaz A, Cousins D, Mateos A, Domínguez L. Elevation of *Mycobacterium tuberculosis* subsp. *caprae* Aranaz *et al.* 1999 to species rank as *Mycobacterium caprae* comb. nov., sp. nov. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2003; 53: 1785–1789. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.02532-0>
- [33] Shrestha A, Picoy J, Torres A, Moore DA, *et al.* A case report of transmission and disease caused by *Mycobacterium caprae* and *Mycobacterium bovis* in Lima, Peru. *BMC Infect Dis* 2021; 21(1): 1265. doi: 10.1186/s12879-021-06944-5
- [34] Zeng J, Zhang Y, Zhao X, Huang G, *et al.* Occurrence of non-tuberculous mycobacteria species in livestock from northern China and first isolation of *Mycobacterium caprae*. *Epidemiol Infect* 2013; 141(7): 1545–1551. doi:10.1017/S0950268812003020.
- [35] Van Ingen J, Rahim Z, Mulder A, Boeree MJ, *et al.* Characterization of *Mycobacterium orygis* as *M. tuberculosis* complex subspecies. *Emerg Infect Dis*. 2012; 18(4): 653–655. doi:10.3201/eid1804.110888
- [36] Rani I, Kumar R, Singha H, Riyesh T, *et al.* *Mycobacterium orygis* and its unseen impact: re-evaluating zoonotic tuberculosis in animal and human populations. *Front Public Health* 2025; 13:1505967. doi:10.3389/fpubh.2025.1505967
- [37] Ramanujam H, Refaya AK, Thiruvengadam K, Pazhanivel N, *et al.* Recovery of *Mycobacterium tuberculosis* Complex Isolates Including Pre–Extensively Drug–Resistant Strains From Cattle at a Slaughterhouse in Chennai, India. *Open Forum Infect Dis*. 2025;12(1): ofae733. doi:10.1093/ofid/ofae733
- [38] Hugh BT, Sim EM, Crighton T, Sintchenko V. Emergence of *Mycobacterium orygis*: novel insights into zoonotic reservoirs and genomic epidemiology. *Front Public Health*. 2025; 13: 1568194. doi:10.3389/fpubh.2025.1568194
- [39] Riopel ND, Long R, Heffernan C, Tyrrell GJ, *et al.* Characterization of *Mycobacterium orygis*, *Mycobacterium bovis*, and *Mycobacterium caprae* infections in humans in western Canada. *Journal of Infectious Diseases* 2024; 230(4): e789–e797. doi:10.1093/infdis/jiae124.
- [40] Sumanth LJ, Suresh CR, Venkatesan M, Manesh A. Clinical features of human tuberculosis due to *Mycobacterium orygis* in Southern India. *J Clin Tuberc Other Mycobact Dis*. 2023; 32: 100372. doi:10.1016/j.jctube.2023.100372
- [41] Bhowmick SK, Gandham S, Kumar R, Praharaj MR, *et al.* Genomic Signature of Drug Resistance and in Vivo Hypervirulence in *Mycobacterium orygis*: Decoding the Blueprint of an Emerging Tuberculosis Threat. Preprint. SSRN. 2024. Dostupné z: <https://ssrn.com/abstract=4735620>
- [42] Eldholm V, Rønning JO, Mengshoel AT, Arnesen T. Import and transmission of *Mycobacterium orygis* and *Mycobacterium africanum*, Norway. *BMC Infect Dis*. 2021; 21(1): 562. doi:10.1186/s12879-021-06269-3

Marie Mikulášová¹, Jiří Wallenfels²

¹ Nemocnice České Budějovice, a.s.

² Národní jednotka dohledu nad tuberkulórou, Fakultní nemocnice Bulovka