

Coordonnées du Laboratoire de Référence

Dr Phn M. FAUVILLE-DUFAUX	WIV-ISP - Mycobactéries	Rue Engeland, 642	1180 Bruxelles
Dr V. MATHYS			
Tél. : 02/373.32.10	Fax : 02/373.32.81	E-mail : Maryse.fauville@wiv-isp.be Vanessa.mathys@wiv-isp.be	

Les données présentées ci-dessous sont celles la Direction opérationnelle « **Maladies transmissibles et infectieuses** » du WIV-ISP, laboratoire "**Tuberculose et Mycobactéries**".

Introduction

Les analyses suivantes ont été exécutées

- ◆ Sur ADN extrait
 - ◆ identification
 - ◆ recherche de mutations géniques associées à la résistance aux antibiotiques
- ◆ Sur cultures positives
 - ◆ identification, par biologie moléculaire (PCR spécifiques de diverses espèces mycobactériennes, amplification d'un fragment du gène codant pour l'ARNr 16S ou pour *hsp65*, suivie de séquençage, test Inno-Lipa-Mycobacteria, PCR permettant la différenciation des membres du complexe *M. tuberculosis*)
 - ◆ tests de sensibilité sur *M. tuberculosis*
 - en Bactec MGIT 960 ou en Bactec 460TB (milieux liquides) pour les antituberculeux de 1^{re} ligne, à savoir isoniazide (I), rifampicine (R), éthambutol (E), Pyrazinamide (PZA) non testée systématiquement parce que le résultat du test *in vitro* ne correspond pas toujours à l'activité de la PZA *in vivo*
 - en Bactec 460TB (milieu liquide) ou par la méthode des proportions de Canetti (milieu solide) pour les antituberculeux de seconde ligne, en cas de résistance à un antituberculeux de 1^{re} ligne
 - par le test Inno-Lipa-Rif-TB ou par séquençage d'une région de 81 pb du gène *rpoB* pour vérifier la résistance à la rifampicine
 - par PCR pour rechercher la mutation S315T dans le gène *katG* et la mutation -C15T dans la région promotrice du gène *inhA* pour vérifier la résistance à l'isoniazide
 - ◆ tests de sensibilité sur mycobactéries atypiques, seulement si le cas clinique le justifie (méthode des proportions de Canetti en milieu solide, méthode sensible pour les mycobactéries à croissance rapide)
 - ◆ génotypage des mycobactéries du complexe *M. tuberculosis*, en cas de résistance à un antituberculeux de 1^{re} ligne, en cas de suspicion d'épidémie, de suspicion de contamination de laboratoire ou encore sur demande spéciale (techniques : spoligotyping et MIRU-VNTR sur 24 loci).

Le laboratoire utilise des techniques accréditées (ISO 17025).

Echantillons reçus pour analyse en 2011

Nombre : 1.992	1.765	cultures pour identification
	33	prélèvements cliniques (dont 20 pour contrôle de qualité externe)
	18	souches de référence pour collection
	42	souches pour contrôle externe de qualité (tests de sensibilité, d'identification, de génotypage)
	116	extraits d'ADN (dont 6 pour contrôle de qualité externe)
	18	lames fixées pour contrôle de qualité externe

Origine géographique : ces échantillons provenaient de 91 laboratoires différents du pays répartis à Bruxelles, en Wallonie et en Flandre, dont 48 ont envoyé plus de 10 échantillons pour analyse.

Mycobactéries d'origine clinique identifiées

1.765 cultures (91% en milieu liquide et 9% sur milieu solide) ont été envoyées pour identification. Une mycobactérie a pu être identifiée dans **1.189** de ces cultures : **493** (41,4%) complexes *M. tuberculosis* et **696** (58,5%) mycobactéries atypiques ou NTM.

- ◆ Les différentes mycobactéries identifiées sont données dans le tableau 1.
- ◆ Le détail des identifications par type d'échantillon clinique est donné dans le tableau 2.
- ◆ Les différentes espèces mycobactériennes identifiées chaque année depuis 1998 sont données dans le tableau 3.
- ◆ On notera que 576 (32,6%) des 1.765 cultures envoyées pour identification ne contenaient pas de mycobactéries (elles contenaient un microorganisme contaminant ou aucun développement bactérien et étaient alors sorties faussement positives de l'automate de culture du laboratoire d'origine).

Tests de sensibilité

1. *M. tuberculosis*

En 2011, *M. tuberculosis* (complexe *M. tuberculosis*) a été identifié sur 493 isolats cliniques provenant de 395 patients différents. Le test de sensibilité a été effectué pour 339 patients (sur 1 isolat clinique pour 329 et sur 2 isolats pour 10 d'entre eux). L'antibiogramme a été effectué uniquement sur les souches envoyées pour génotypage, sur les cultures contaminées ou quand la souche a été isolée dans un laboratoire effectuant lui-même les tests de sensibilité.

Patients sensibles à I (isoniazide), R (rifampicine) et E (éthambutol) : 288 (84,9 %)

Patients résistants à I (et pas à R)	: 27 (7,9 %)	} 20 patients MDR (5,9%), dont 14 nouveaux cas
Patients multirésistants (I+R)	: 5	
Patients multirésistants (I+R+E)	: 15	
Patients résistants à R uniquement	: 3	

Parmi les **souches multirésistantes**, 10 souches (50%) appartenaient à la famille Beijing. Une mutation dans *rpoB* a été retrouvée dans 19 des 20 isolats résistants à la rifampicine (mutation S531L dans 79% des cas). Une mutation dans *katG* ou *inhA* a été retrouvée chez 95% (19/20) des isolats MDR : *katG* seul chez 84,2% des isolats; *inhA* seul dans 1 seul isolat (5,2%); *katG* + *inhA* chez 10,5% des isolats.

Parmi les isolats **mono-résistants à l'isoniazide** (ou résistants à l'isoniazide et l'éthambutol), la mutation S315T dans *katG* a été retrouvée chez 53,3% des isolats, la mutation -C15T dans *inhA* chez 23,3% des isolats. Aucun isolat ne présentait les 2 mutations ensemble. Les 23,3% d'isolats restants n'avaient pas la mutation recherchée dans ces 2 gènes.

2. Mycobactéries atypiques ou NTM

Le test de sensibilité a été effectué pour 202 patients infectés (207 isolats) par les mycobactéries suivantes : 133 *M. avium-intracellulare*, 18 *M. xenopi*, 17 *M. kansasii*, 14 complexe *M. chelonae-abcscessus*, 7 *M. malmoense*, 4 *M. fortuitum*, 1 *M. marinum* et 8 autres mycobactéries atypiques.

Analyse des ADN extraits d'échantillons cliniques

110 ADN (extraits préparés dans le laboratoire qui a reçu le prélèvement) nous ont été adressés pour identification et/ou recherche de mutations géniques associées à la résistance à l'isoniazide et à la rifampicine.

Parmi les 110 ADN, 27 (dont 6 d'origine respiratoire) nous ont été envoyés par un hôpital pour recherche rapide de mutations dans *rpoB*, *katG* et *inhA* (patients suspects de tuberculose multirésistante) et 58 (28 provenant de biopsies d'origine pulmonaire ou d'organe, 2 biopsies cutanées, 16 ganglions et 12 d'autres origines) nous ont été envoyés par un laboratoire d'anatomo-pathologie pour recherche de la présence d'ADN mycobactérien.

Parmi les 6 ADN d'origine respiratoire du premier hôpital, 2 contenaient de l'ADN de *M. tuberculosis* (dont aucun ne présentait de mutation associée à une multirésistance). Parmi les ADN du laboratoire d'anatomopathologie, 86,2% ne contenaient pas d'ADN de mycobactérie, 6 seulement contenaient de l'ADN du complexe *M. tuberculosis* et 2 de l'ADN de mycobactérie atypique.

Génotypage des bacilles de la tuberculose : pour 89 patients + 263 pour l'étude d'épidémiologie moléculaire à Bruxelles

Deux techniques de typage génétique, basées sur des marqueurs différents, sont utilisées dans notre laboratoire pour déterminer l'empreinte génétique des bacilles de la tuberculose : le Spoligotyping et MIRU-VNTR (Mycobacterial Interspersed Repetitive Unit - Variable Number Tandem Repeat) sur 24 loci. Le génotypage permet de tracer les voies de transmission de la tuberculose (confirmation de contaminations intra-familiales ou de voisinage, micro-épidémies, détection de contaminations croisées de laboratoire d'un échantillon par un autre, technique en même temps). Il permet également de distinguer les tuberculoses humaines dues à *M. bovis* des tuberculoses classiques dues à *M. tuberculosis*.

Le génotypage est effectué sur tous les isolats cliniques résistants à l'isoniazide (27 patients), sur tous les isolats multirésistants (20 autres patients) et, sur demande, sur les isolats sensibles aux antituberculeux, en cas de suspicion d'épidémie ou de contamination (42 patients).

Un seul cluster de 2 souches a été observé parmi les isolats monorésistants à l'isoniazide.

Parmi les 20 isolats multirésistants, 3 appartenaient à 2 clusters détectés précédemment. Parmi ces 3 souches appartenant à des clusters, 2 présentaient un profil identique (même cluster) et appartenaient la famille Beijing. Font déjà partie de ce cluster Beijing les souches isolées les années précédentes chez plusieurs patients tuberculeux multirésistants originaires d'Europe de l'Est. La troisième souche multirésistante en cluster appartenait à la famille génétique de souche T2.

Parmi les souches multisensibles des 42 patients pour lesquels un génotypage avait été demandé, 22 faisaient partie d'un cluster. Nous avons en effet observé 9 clusters parmi ces patients, soit 7 clusters de 2 patients, 1 de 3 patients et 1 de 5 patients. Ces clusters étaient le résultat soit de contaminations de contact (home, classe dans une école, etc...) soit de contaminations croisées de laboratoire. La mise en évidence de ces dernières a permis d'éviter la mise sous traitement inutile de patients faussement positifs.

Dans le cadre d'une étude d'épidémiologie moléculaire de la tuberculose à Bruxelles (projet européen **TB PAN NET 2009**), les isolats de *M. tuberculosis* de **263 patients habitant la Région bruxelloise** ont été génotypés dans notre laboratoire, par spoligotyping et MIRU-VNTR sur 24 loci. Les données administratives et cliniques des patients ont été collectées auprès de la FARES-VRGT. Il ressort de cette étude que 82% des patients de Bruxelles étaient d'origine étrangère.

Les 567 souches isolées à Bruxelles en 2010 (304) et 2011 (263) présentaient une grande diversité génétique. Nous avons en effet observé 447 profils différents, soit 380 (85%) souches avec un profil unique (qui leur est propre) et 187 souches faisant partie d'un cluster. Nous avons relevé 67 clusters de 2 à 8 patients infectés par une souche identique. 25 patients étaient infectés par une souche multirésistante.

Les patients des clusters de taille importante font l'objet d'investigations de terrain par la FARES-VRGT en vue de tenter de déterminer comment ils se sont contaminés et d'effectuer le contrôle tuberculinique de leur entourage.

Les 567 souches analysées en 2010 et 2011 appartenaient aux familles génétiques suivantes (répertoriées dans les bases internationales de spoligotypes) : familles T (24%), H (18%), LAM (15%), Beijing (6,1%), U (3,6%), CAS (3,4%), EAI (2,8%).

Commentaires

- En ce qui concerne le nombre de cas de tuberculose déclarés en Belgique et le nombre de patients multirésistants, les données nationales sont collectées et diffusées par la FARES-VRGT ((Fonds des Affections Respiratoires – Vlaamse vereniging voor Respiratoire Gezondheidszorg en tuberculosebestrijding vzw).
- Les proportions des cas de tuberculose résistante à l'isoniazide et de tuberculose multirésistante (MDR-TB : soit résistance à au moins l'isoniazide et la rifampicine) enregistrées dans notre laboratoire sont comparables aux pourcentages observés précédemment (5,9% de MDR en 2011 versus 6,4% de MDR en 2010, 6,1% en 2009 et 6,6% en 2008). Parmi les 14 nouveaux patients MDR, 3 patients étaient infectés par une souche XDR (ultra-résistante : souche MDR avec résistance additionnelle à l'amikacin et à une quinolone), 1 autre patient était infecté par une souche multirésistante présentant une résistance supplémentaire à l'amikacin (mais sensible aux quinolones) et 2 patients par une souche MDR sensible à l'amikacin, mais résistante aux quinolones. Ces cas de tuberculose ultrarésistante sont très difficiles à traiter et nécessitent la mise en isolement des patients, en chambre à pression négative à l'hôpital Saint-Pierre, pendant de longs mois. Ces patients entrent dans l'étude BELTA TB NET; leur traitement est financé par l'INAMI.
- Parmi les 1.765 cultures envoyées pour identification, 91% (1.603) étaient des cultures en milieu liquide (830 du BACTEC MGIT, 12 du BACTEC radiométrique, 592 du BacT/ALERT, 169 du BACTEC 9.000) et 9% (162) étaient sur milieu solide.
- D'autre part, 576 cultures (32,6%) ne contenaient pas de mycobactérie (cultures contaminées ou faussement positives). Le pourcentage de ces cultures **sans** mycobactérie varie en fonction du type de milieu utilisé. Pourcentages de faux positifs : 37,5% (311/830) des cultures MGIT, 32,9% (195/592) des cultures provenant du BacT/Alert, 26,0% (44/169) des cultures

en Bactec 9.000 et 16,0% (26/162) des cultures en milieu solide. Ce taux particulièrement élevé de cultures faussement positives envoyées pour identification au centre de référence est lié au fait que les tubes de culture ne peuvent pas être ouverts dans des laboratoires sans infrastructure L3. Ce taux anormalement élevé de faux positifs génère beaucoup de travail inutile et nécessite une révision des procédures de décontamination des prélèvements dans les laboratoires de biologie clinique effectuant la primoculture, ainsi que la vérification/calibration des automates de culture.

- Les cultures contaminées ou négatives génèrent beaucoup plus de travail (pour s'assurer qu'elles ne contiennent vraiment pas de mycobactéries) que l'identification d'une culture mycobactérienne pure.
- Les espèces de NTM les plus isolées furent, comme les années précédentes, *M. xenopi* (12,6% des NTM) et *M. goodii* 28,4% des NTM. (C'est une mycobactérie non pathogène).
- La proportion de *M. avium* et *M. intracellulare* est en augmentation par rapport aux années précédentes (39,6% des mycobactéries atypiques identifiées en 2011, versus 32,1% en 2010, 32,8% en 2009, 37,6% en 2008, 32% en 2007 et 22% en 2006) (tableau 3). Ceci pourrait être dû au fait que plusieurs laboratoires identifient à présent eux-mêmes les espèces mycobactériennes en culture par des tests moléculaires commerciaux et ne nous envoient les souches que pour antibiogramme. On pourrait dès lors considérer que le nombre de pathologies associées à *M.avium-intracellulare* est plus grand que celles associées aux autres espèces.
- En ce qui concerne les NTM, nous ne savons pas combien d'entre elles ont été réellement la cause d'une maladie car nous n'avons pas de données cliniques sur les patients.

Tableau 1 : Mycobactéries : identification de cultures d'origine clinique (N; 2011)

		TUB CPX		
Pathogènes	Cpx <i>M. tuberculosis</i>	467		
	Mélange cpx <i>M.tub</i> et atypique	2		
	<i>M. bovis</i>	12		
	<i>M. bovis</i> ssp B.C.G.	10		
	<i>M. africanum</i>	2		
	Total TUB CPX	493		41,5%
				% NTM
Potentiellement pathogènes	NTM			
	<i>M. abscessus</i>	7		
	<i>M. avium</i>	142		20,4%
	<i>M. asiaticum</i>	1		
	<i>M. chelonae</i> subsp. <i>chelonae</i>	5		
	Cpx <i>M. chelonae</i> -abscessus	18		
	Cpx <i>M. fortuitum</i> - <i>peregrinum</i>	24		
	Cpx <i>M.fortuitum</i> - <i>porcinum</i> - <i>boenickei</i>	2		
	<i>M. genavense</i>	2		
	<i>M. haemophilum</i>	2		
	<i>M. interjectum</i>	3		
	<i>M. Intracellulare</i>	134		19,3%
	<i>M. kansasii</i>	20		
	<i>M. lentiflavum</i>	3		
	<i>M. malmoense</i>	8		
	<i>M. mantonii</i>	2		
	<i>M. marinum</i>	2		
	<i>M. mucogenicum</i>	3		
	<i>M. scrofulaceum</i>	3		
	<i>M. szulgai</i>	5		
	<i>M. wolinskyi</i> - <i>jacuzzii</i>	1		
	<i>M. xenopi</i>	88		12,6%
	Mélange <i>M. avium</i> et <i>M. intracellulare</i>	1		
	Mélange <i>M. avium</i> et <i>M. fortuitum</i>	1		
	Mélange <i>M. avium</i> et <i>M. gordonae</i>	1		
	Mélange <i>M. intracellulare</i> et <i>M. gordonae</i>	1		
	Mélange <i>M. gordonae</i> et <i>M. xenopi</i>	1		
Rarement ou non* pathogènes	<i>M. aubagnense</i>	1		
	<i>M. branderi</i>	2		
	<i>M. gordonae</i>	198		28,4%
	<i>M. phlei</i>	1		
	<i>M. hiberniae</i>	1		
	<i>M. parascrofulaceum</i>	1		
	<i>M. smegmatis</i>	1		
	<i>M. terrae</i>	4		
	<i>M. species</i>	7		
	Total NTM	696		58,5%
	Total Mycobacteria	1189		
<i>Corynebacterium</i> ou autres		28		
Négatifs (cultures ne contenant pas de mycobactéries)		548		
Total cultures cliniques analysées		1765		
Souches de référence pour collection		18		227
Contrôles de qualité		42		
Extraits d'ADN		116		
Prélèvements cliniques		33		
Lames fixées pour contrôles de qualité		18		
Total		1992		

myco_b_t1

Tableau 2 : Mycobactéries : espèces identifiées à partir de cultures (N; 2011)

Cultures	<i>Cpx Mycobacterium tuberculosis</i>	Mélange <i>M. tuberculosis</i> + atypique	<i>Mycobacterium bovis</i> ssp <i>B.C.G.</i>	<i>Mycobacterium bovis</i>	<i>Mycobacterium abscessus</i>	<i>Mycobacterium aubagnense</i>	<i>Mycobacterium avium</i>	<i>Mycobacterium asiaticum</i>	<i>Mycobacterium branderi</i>	<i>Mycobacterium chelonae</i> subsp. <i>chelonae</i>	<i>Cpx Mycobacterium chelonae</i> - abscessus	<i>Cpx Mycobacterium fortuitum</i> - paragrimum	<i>Cpx Mycobacterium fortuitum</i> - porcinum-boenitckei	<i>Mycobacterium genavense</i>	<i>Mycobacterium gordonae</i>	<i>Mycobacterium haemophilum</i>	<i>Mycobacterium hiberniae</i>	<i>Mycobacterium interjectum</i>	<i>Mycobacterium intracellulare</i>	<i>Mycobacterium kansasii</i>	<i>Mycobacterium lentilivum</i>	<i>Mycobacterium malmoense</i>	<i>Mycobacterium mageritii</i>	<i>Mycobacterium marinum</i>	<i>Mycobacterium mucogenicum</i>	<i>Mycobacterium phlei</i>	<i>Mycobacterium parascrofulaceum</i>	<i>Mycobacterium scrofulaceum</i>	<i>Mycobacterium smegmatis</i>	<i>Mycobacterium szulgai</i>	<i>Mycobacterium terrae</i>	<i>Mycobacterium xenopi</i>	<i>Mycobacterium walinskyi</i> - jacuzzi	<i>Mycobacterium species</i>	Mélange <i>M. avium</i> & <i>M. intracellulare</i>	Mélange <i>M. avium</i> & <i>M. fortuitum</i>	Mélange <i>M. avium</i> & <i>M. gordonae</i>	Mengsel <i>M. intracellulare</i> & <i>M. gordonae</i>	Mengsel <i>M. gordonae</i> & <i>M. xenopi</i>	<i>Corynebacterium</i>	Autre microorganisme	Éliminés	Total			
Expectoration	219	2		3	1	49	1	1		3	10	17	1	112	2	1	2	60	9	2	2		3	1	1	2	2	2	41	4	1							7	5	296	862					
Aspiration bronchique	71		1	1	41		1				2		1	33		1	42	6				2	2		3	1	2	2	36	2									1	7	114	371				
Liqu. broncho-alvéolaire	51		2		6					2		1		32			10	3		1	1	1					1	4												1	25	137				
Liqu. gastrique	4		1		1									2					1	1	1							1												7	19					
Liqu. d'ascite	1																																								4	5				
Liqu. pleural	12		1		1									1																										1	11	27				
Liqu. péricardique																																										4	4			
Liqu. péritonéal	1																	1																								2	5			
Liqu. cérébro-spinal	3																																									6	9			
Liqu. articulaire	1																																									1	2			
Hémoculture							1																																				6	7		
Biopsie organe	10		3		3													1														1									4	22				
Biopsie cutanée tendon	1								2	2				1																												3	9			
Biopsie osseuse			1																																							2	4			
Ganglion	31		2		12									1				1				2																					10	59		
Pus	16	2			3						2			1				3				1																					13	43		
Abcès	10	1	1		3						1											1						1														7	26			
Urine	7	7	1		5					2				10				1																									5	1	20	60
Selles															1																													1	0	
Autre																																														
Origine inconnue	32			1	17					2	2			5				15											2	4														13	93	
Total	469	2	10	12	7	1	142	1	2	5	18	24	2	2	198	2	1	3	134	20	3	8	2	2	3	1	1	3	1	5	4	88	1	7	1	1	1	1	1	1	13	15	548	1765		

myco_b_12

Tableau 3 : Mycobactéries : espèces mycobactériennes d'origine clinique (par séquençage d'ADNr 16S depuis 1999) (N; 1998-2011)

		2011	2010	2009	2008	2007	2006	2005	2004	2003	2002	2001	2000	1999	1998
Cpx <i>M. tuberculosis</i>	Cpx <i>M. tuberculosis</i>	467	489	397	468	415	451	462	437	421	422	438	521	492	413
	<i>M. tuberculosis</i>					5	12	1							
	Mélange <i>M. tuberculosis</i> + atypique	2	3	2	2		2	1	1	1	7	5	3	6	1
	<i>M. africanum</i>	2	2			1		1		2					
	<i>M. bovis</i>	12	15	5	8	3	1	3	1	2	3		3	5	
	<i>M. bovis</i> BCG	10	8	5	1	3	6	2	4	1		2	1	3	1
	Mélange <i>M. bovis</i> BCG + <i>M. gordonae</i>							1							
Mycobactéries atypiques opportunistes	<i>M. avium</i>	142	128	128	122	117	79	93	77	56	70	62	57	71	41
	<i>M. intracellulare</i>	134	88	101	90	74	55	49	47	32	30	29	65	25	11
	Mélange <i>M. avium</i> + atypique	3	1		2										
	Mélange <i>M. intracellulare</i> + atypique	1	1												
	<i>M. celatum</i>		3	4		3				1	1		1	2	
	Cpx <i>M. chelonae-abscessus</i>	30	20	32	25	21	23	32	37	42	38	36	56	15	3
	Cpx <i>M. fortuitum-peregrinum</i>	24	20	16	17	17	17	21							
	<i>M. genavense</i>	2	1			2							1		
	<i>M. haemophilum</i>	2			2	2	1	2	1		1				
	<i>M. immunogen</i>							1			1	1	2		
	<i>M. interjectum</i>	3	4	2	3	5	7	5	1	1	2	2	5	2	
	<i>M. intermedium</i>		3	5	2	2		1		1	1				
	<i>M. kansasii</i>	20	30	24	41	32	31	25	20	18	35	36	32	29	17
	Mélange <i>M. kansasii</i> + <i>M. avium</i>												1		
	Mélange <i>M. kansasii</i> + <i>M. gordonae</i>													1	
	<i>M. lentiflavum</i>	3	13	5	7	11	5	7	4	14	4	5	7		
	<i>M. malmoense</i>	8	9	3	7	9	11	4	4	3	6	4	8	20	2
	<i>M. marinum</i>	2	6	6	6	8	11	8	4	3	7	16	15	2	
	<i>M. paraffinicum</i>			2		4	5			5		8			
	<i>M. peregrinum</i>									3	7	4		4	
	<i>M. scrofulaceum</i>	3		1	6	4	2	3	2	1	1	2	7	3	
	Mélange <i>M. scrofulaceum</i> + <i>M. gordonae</i>												1		
	<i>M. simiae</i>		11	9	9	4	1	6	14	1	4	6	4	4	
	<i>M. szulgai</i>	5	4	3	3	6	3	4	6	1	2	3		3	
	<i>M. xenopi</i>	88	132	138	127	126	115	149	123	111	108	94	100	83	49
	Mélange <i>M. xenopi</i> + <i>M. gordonae</i>	1	1	1									2		
	<i>M. species</i>	11			5		4	6	3	6	13	10	10	6	
Rarement ou non * pathogènes	<i>M. agri</i>					1			1	1					
	<i>M. alvei</i> *			1					1	4	2				
	<i>M. anthracenicum</i> *			3			4	23	3						
	<i>M. arupense</i>		3	1											
	<i>M. aubagnense</i>	1			1										
	<i>M. bohemicum</i>		2		1	2	2	2	2	1		2	1	1	
	<i>M. branderi</i>	2		1				2							
	<i>M. cookii</i>			1											
	<i>M. duvalli</i>												1	1	
	<i>M. elephantis</i>									1					
	<i>M. frederiksbergense</i> *			1											
	<i>M. gadium</i>										1			1	
	<i>M. gilvum</i>											1			
	<i>M. gordonae</i>	198	176	198	76	121	145	143	161	142	201	166	198	133	82
	Mélange <i>M. gordonae</i> + <i>M. simiae</i>			1											
	<i>M. heckeshornense</i>					2			2						
	<i>M. heidelbergense</i>		2												
	<i>M. hiberniae</i>	1								1		1	4	1	
	<i>M. holsaticum</i>		1		1	1				1					
	<i>M. kumamotoense</i>		1		1										
	<i>M. mucogenicum</i>	3	2	3			3	2	2						
	<i>M. negraskense</i>							1							
	<i>M. neoaurum</i>						1		1						
	<i>M. nonchromogenicum</i>		1		1	6	3	3	3	1	1	4	4	2	
	<i>M. noviomagense</i>			1	1										
	<i>M. novocastrense</i>											2	2		
	<i>M. palustre</i>			1											
	<i>M. parascrofulaceum</i>	1	1												
	<i>M. phlei</i>	1		1	1		1	1	1			2			
	<i>M. ratisbonense</i>									1	3	3	1		
	<i>M. senegalense</i>												1	1	
	<i>M. sherrisii</i>			1	3										
	<i>M. shimoidei</i>			1	1								1		
	<i>M. smegmatis</i>	1							2		1	2	1		
	<i>M. sphagni</i>						5				1		1		
<i>M. terrae</i>	4	3	2				2	2	4	1	5	2	4		
Cpx <i>Terrae-mucogenicum-ratisbonense</i>				3	7	3									
<i>M. triplex</i>		5	1					1			1				
<i>M. triviale</i>													1		
Autres bactéries		15	4	2		11	15			2			5	3	7
Corynebacterium (autre famille)		13		7	4										
Total		1217	1199	1116	1047	1025	1025	1068	967	886	973	953	1122	922	627

myco_b_t3