

Nationaal Referentiecentrum Mycobacteriën en Tuberculose

– Jaarrapport 2017 – Vanessa Mathys

De voorgestelde data zijn afkomstig van de Operationele Directie 'Infectious Diseases in Humans' van Sciensano, Dienst Mycobacteriën en Tuberculose.

INLEIDING

De uitgevoerde testen zijn de volgende:

- Op DNA extracten:
 - Identificatie
 - Opsporen van genetische mutaties gelinkt aan antimicrobiële resistentie
- Op positieve culturen:
 - Identificatie (via immunochromatografische test MPB64, species-specifieke PCR, 16S rRNA sequencing, en/of de GenoType Mycobacterium test voor onderscheid van verschillende subspecies van het *M. tuberculosis* complex)
 - Gevoeligheidstesten op *M. tuberculosis*:
 - In vloeibaar milieu (Bactec 960 MGIT) voor de eerstelijns antibiotica, zijnde isoniazid (I), rifampicine (R), ethambutol (E) et pyrazinamide (PZA)
 - In vloeibaar milieu (Bactec 960 MGIT) voor de tweedelijns antibiotica, in geval van resistentie tegen bovenstaande drugs.
 - Via de GenoType MTBDRplus test of via sequencing van een 81bp regio van *rpoB* ter bevestiging van de resistentie
 - Via multiplex PCR ter detectie van de mutatie S315T in het gen *katG*, en de mutatie C-15T in de promoterregio van *inhA*, of via de GenoType MTBDRplus voor bevestiging van resistentie tegen isoniazid
 - Via de test GenoType MTBDRsl voor bevestiging van resistentie tegen tweedelijns antibiotica.
 - Gevoeligheidstesten op *atypische* mycobacteriën, indien klinisch relevant en volgens de methode van Canetti (vast) en microdilutie (vloeibaar, Sensititre®)
 - Genotypering van de mycobacteriën van het *M. tuberculosis* complex in geval van mono-resistentie, vermoeden van uitbraak, vermoeden van contaminatie of op speciaal verzoek (spoligotypering en MIRU-VNTR op 24 loci).
- Op bloedstalen
 - Diagnostiek van latente TB via de IGRA (Interferon Gamma Release Assays) test
- Op pulmonaire stalen
 - Snelle detectie van de aanwezigheid van het *M. tuberculosis* complex en resistentie tegen rifampicine (GeneXpert®)
- Het laboratorium opereert onder accreditatie (ISO15189)

STALEN ONTVANGEN VOOR ANALYSE IN 2017

- Diagnose of bevestiging : 3269, waarvan
 - 2851 culturen voor identificatie
 - 247 DNA extracten
 - 171 klinische stalen (58 voor detectie van LTB, 113 voor GeneXpert)
- Surveillance-genotypering: 182 culturen van Brussel (TB-BRU-NET), ontvangen voor genotypering
- Kwaliteitscontrole: 118 stalen (microscopieglaasje, culturen, DNA of pulmonaire stalen) ontvangen voor kwaliteitscontrole

In totaal maakt dit **3569** geanalyseerde stalen. Deze waren afkomstig van 67 klinische laboratoria uit Vlaanderen, Brussel en Wallonië; 45 van deze labo's stuurden meer dan 10 stalen op voor analyse.

Identificatie van mycobacteriën van klinische oorsprong

2851 culturen (93.3% in vloeibare culturen en 6.7% op vast milieu) werden opgestuurd voor identificatie. In 1497 van deze stalen werd een mycobacterium geïdentificeerd: 556 (37.1%) van het *M. tuberculosis* complex en 941 (62.8%) atypische mycobacteriën, of NTMs.

- Een overzicht van de verschillende mycobacteriën is weergegeven in Tabel 1. Les différentes mycobactéries identifiées sont données dans le tableau 1
- In tabel 2 staat een overzicht per type staal
- De verschillende mycobacteriën (2000-2017) zijn opgelijst in tabel 3

Opvallend was dat in 1354 (47.5%) van de 2851 opgestuurde culturen geen mycobacteriën werden aangetroffen : hierin werd ofwel een contaminant geïdentificeerd, of dit waren vals positieve culturen zonder waarneembare groei van micro-organismen.

Gevoeligheidsbepalingen

1. *M. tuberculosis*

In 2017 werd in 556 isolaten (433 verschillende patiënten) *M. tuberculosis* (complex) geïdentificeerd. Een antibiogram werd uitgevoerd voor 319 patiënten (op 1 klinisch isolaat voor 307, op 2 isolaten voor 11 en op 3 isolaten voor één patient). Het antibiogram werd niet uitgevoerd op stalen die enkel voor genotypering werden opgestuurd, op gecontamineerde culturen, of wanneer de gevoeligheid van de stam al werd getest in het labo van oorsprong.

Stammen gevoelig aan I (isoniazide), R (rifampicine) en E (éthambutol) : 275 (86%)

| | |
|--|-----------------|
| Stammen resistent aan I (en niet aan R) : 33 (10.3%) | |
| Multiresistente stammen (I+R) : 3 | } 5 MDRs (1.5%) |
| Multiresistente stammen (I+R+E) : 2 | |
| Stammen resistent aan I+E : 3 | |
| Stammen mono-resistent aan R : 3 | |

Onder de **MDR** stammen, zijn er 4 nieuwe casus waarvan er 2 tot de Beijing familie horen. Een *rpoB* mutatie werd teruggevonden in 100% van de RIF-resistente stammen (waarvan de mutatie S531L in 50% van de gevallen). De vier MDR stammen (100%) droegen ook een *katG* mutatie, maar geen promotermutatie in *inhA*.

Onder de stammen mono-resistent aan isoniazide, werd *katG* S315T teruggevonden in 53,1% van de isolaten en de mutatie C-15T in *inhA* in 34,3% van de isolaten. Eén isolaat droeg beide mutaties. Vier isolaten hebben geen (courante) mutatie in deze 2 genen.

2. Atypische Mycobacteriën (NTMs)

Een gevoeligheidstest werd uitgevoerd voor 323 patients (351 isolaten), geïnfecteerd door de volgende NTMs : 91 *M. avium*, 60 *M. intracellulare*, 52 *M. chimaera*, 30 *M. xenopi*, 25 complexe *M. chelonae-abcessus*, 23 *M. kansasii*, 9 complexe *M. fortuitum*, 6 *M. marinum*, 4 *M. malmoense* en 23 andere NTMs

Analyse van DNA extracten uit klinische stalen

Er werden 247 DNA stalen (waarvan de extracties werden uitgevoerd door het perifere labo) opgestuurd voor identificatie, of voor bepaling aan genetische mutaties gerelateerd aan rifampicin en isoniazid.

Van deze stalen werden 71 (waarvan 31 van respiratoire origine) ons toegezonden voor snelle opsporing van de mutaties in *rpoB*, *katG* et *inhA*, in patiënten met vermoeden voor een MDR-TB infectie. 6/31 stalen werd DNA van *M. tuberculosis* vastgesteld.

Er werden 123 stalen opgestuurd vanuit anatomic-pathologie laboratoria voor de opsporing van mycobacterieel DNA. Deze stalen waren afkomstig vanuit pulmonaire biopsies (75), 33 ganglion, 6 andere en 9 onbekende oorsprong. In 83% van de gevallen stelden we geen aanwezigheid van mycobacterieel DNA vast. Van de positieve stalen bevatten 7 enkel DNA van *M. tuberculosis*, en 14 DNA afkomstig van een NTM infectie.

Genotypering van MTB : epidemiologische studie in 201 patiënten, en 182 Brusselse TB patiënten

Twee genotyperingstechnieken werden gebruikt in 2017: Spoligotypering en MIRU-VNTR (Mycobacterial Interspersed Repetitive Unit - Variable Number Tandem Repeat) op 24 loci. Deze typeringen laten toe de transmissie van TB te bestuderen (oa. Bevestigen van intra-familiaire overdracht, micro-epidemieën, kruiscontaminaties in laboratoria). Met deze technieken kan ook onderscheid gemaakt worden tussen TB veroorzaakt door *M. bovis* ten opzichte van de klassieke infectie met *M. tuberculosis*.

Deze genotypering werd uitgevoerd op alle isolaten resistent aan isoniazide (33 patiënten), op alle MDR-TB stammen (4) en op aanvraag, op pan-sensitieve MTB stammen bij vermoeden van uitbraak of besmetting (uitgevoerd op 164 stammen).

In het algemeen, laat deze analyse clustering toe van TB isolaten. Op dit moment zijn er 435 clusters vastgesteld, met tussen de 2 en 37 patiënten per cluster. Stammen uit deze clusters komen uit verschillende genetische lijnen, waar T, H, LAM, Beijing, U, CAS en EAI de voornaamste zijn. Patiënten in grote clusters worden opgevolgd op het terrein door FARES-VRGT, om na te gaan hoe ze de infectie hebben opgelopen en om hun directe omgeving te controleren op TB.

In kader van een epidemiologisch onderzoek naar TB in Brussel (EU project **TB-BRU-NET**), werden de isolaten van *M. tuberculosis* van 182 **patiënten woonachtig in de Brusselse regio** gegenotypeerd in ons laboratorium door spoligotypering en MIRU-VNTR: administratieve en klinische patiëntgegevens werden verzameld door FARES-VRGT. De stammen die tussen 2010 en 2013 werden geïsoleerd, werden opgenomen in de volgende publicatie:

Molecular epidemiology of Mycobacterium tuberculosis complex in Brussels, 2010-2013.

Vluggen C, Soetaert K, Groenen G, Wanlin M, Spitaels M, Arrazola de Oñate W, Fauville-Dufaux M, Saegerman C, Mathys V. PLoS One. 2017 Feb 21;12(2):e0172554.

Opmerkingen

- Cijfers over aangegeven gevallen van TB in België, en het aantal MDR-Tb infecties worden verzameld en verspreid door FARES-VRGT (Fonds des Affections Respiratoires – Vlaamse vereniging voor Respiratoire Gezondheidszorg en tuberculosebestrijding vzw).
- De proportie MDR-TB (resistent aan minstens isoniazide en rifampicine) is sterk gedaald ten opzichte van het voorbije jaar (1.5 versus 3.3% MDR in 2016). Geen van de vier MDR-TB stammen betrof een ultrasensitieve stam (XDR, additionele resistentie tegen amikacin en een fluoroquinolone), of een stam resistent tegen amikacin of een fluoroquinolone.
- Tussen de 2851 ontvangen culturen voor identificatie, waren er 93.3% (2659) vloeibare culturen (1608 BACTEC MGIT, 971 BacT/ALERT, 32 BACTEC 9.000) en 6.7% (192) op vaste agar.
- Van deze culturen bevatten **47.5%** geen mycobacteriën (contaminatie of vals positieve culturen). Het percentage van deze culturen varieert naargelang type milieu: 40.6% (653/1608) zijn MGITs, 64.8% (630/971) zijn afkomstig van BacT/ALERT, 46.9% (15/32) afkomstig van BACTEC 9.000 en 16.6% (35/192) zijn vaste culturen. De reden voor deze stijging, is dat positieve culturen niet meer mogen geopend worden in een laboratorium zonder L3 infrastructuur. In elk geval, veroorzaakt dit veel onnodig werk aan het NRC, en wordt een revisie van de contaminatieprocedures bij de perifere laboratoria geadviseerd.
- De meest voorkomende NTM species zijn: *intracellulare-M.chimaera* (29.6% van de NTMs), *M. gordonae* (19.8% van de NTMs), *M. avium* (18.5%) en *M. xenopi* (10.8%). Dit komt overeen met wat er vorig jaar werd gerapporteerd.
- Sinds 2015 is er een alert gaande vanuit ECDC betreffende risico op infectie met *M. chimaera* bij gebruik van heater-cooler units tijdens cardiale chirurgie onder kunstmatige beademing. Enkel met behulp van sequencing kan onderscheid gemaakt worden tussen *M. intracellulare* en *M. chimaera*.
- We hebben de verhouding van *M.intracellulare* en *M.chimaera* onderzocht in stalen ontvangen in 2015, waaruit bleek dat 63% behoren tot *M. chimaera* (Soetaert K, Vluggen C, André E, Vanhoof R, Vanfleteren B, **Mathys V**. Frequency of Mycobacterium chimaera among Belgian patients, 2015. J Med Microbiol. 2016 Nov;65(11):1307-1310. In 2017 was deze verhouding gelijkaardig (60.3%)
- Wat betreft NTM infecties, kunnen we onmogelijk bepalen welke stammen de werkelijke oorzaak zijn van ziekte, aangezien het NRC niet over relevante klinische gegevens beschikt.
- Sinds 2018 is Whole Genome Sequencing geïmplementeerd in het NRC, en wordt het gebruikt voor onderzoek en analyse van MDR-TB stammen.

Tabel 1 : Identificatie van klinische culturen in 2017

| TUB CPX | | | |
|--|--|--------------|--------------|
| Pathogenen | Complexe <i>M. tuberculosis</i> | 486 | |
| | <i>M. bovis</i> | 5 | |
| | <i>M. bovis</i> ssp B.C.G. | 18 | |
| | <i>M. tuberculosis</i> | 43 | |
| | <i>M. africanum</i> | 1 | |
| | <i>M. tuberculosis</i> + <i>M. gordonae</i> | 2 | |
| | <i>M. tuberculosis</i> + <i>M. intracellulare</i> cpx | 1 | |
| Total TUB CPX | 556 | 37.1% | |
| NTM | | | % NTM |
| Potentiele pathogenen | <i>M. arupense</i> | 6 | |
| | <i>M. aubagnense</i> | 2 | |
| | <i>M. avium</i> | 174 | 18.5% |
| | <i>M. bohemicum</i> | 2 | |
| | <i>M. celatum</i> | 3 | |
| | <i>M. chelonae- abscessus</i> complexe | 24 | |
| | <i>M. abscessus</i> | 18 | |
| | <i>M. chelonae</i> | 18 | |
| | <i>M. fortuitum</i> complexe | 22 | |
| | <i>M. fortuitum-senegalense-farcinigenes</i> complexe | 2 | |
| | <i>M. fortuitum-porcinum-boenickei</i> complexe | 2 | |
| | <i>M. peregrinum-septicum</i> complexe | 3 | |
| | <i>M. goodii</i> | 1 | |
| | <i>M. gordonae</i> | 186 | 19.8% |
| | <i>M. haemophilum</i> | 1 | |
| | <i>M. hassiacum</i> | 2 | |
| | <i>M. heckeshornense</i> | 1 | |
| | <i>M. heraklionense</i> | 1 | |
| | <i>M. interjectum</i> | 3 | |
| | <i>M. intracellulare</i> | 110 | 29.6% |
| | <i>M. chimaera (M. intracellulare</i> complexe) | 169 | |
| | <i>M. kansasii</i> | 25 | |
| | <i>M. lentiflavum</i> | 9 | |
| | <i>M. malmoense</i> | 6 | |
| | <i>M. marinum</i> | 6 | |
| | <i>M. massiliense</i> | 3 | |
| | <i>M. mucogenicum-ratisbonense</i> complexe | 1 | |
| | <i>M. nebraskense</i> | 1 | |
| | <i>M. noviomagense</i> | 1 | |
| | <i>M. palustre</i> | 1 | |
| | <i>M. paraffinicum (scrofulaceum)</i> | 1 | |
| | <i>M. parascrofulaceum</i> | 3 | |
| | <i>M. saskatchewanense</i> | 1 | |
| | <i>M. sensuense</i> | 1 | |
| | <i>M. shimoidei</i> | 1 | |
| | <i>M. simiae</i> | 9 | |
| | <i>M. species</i> | 1 | |
| | <i>M. szulgai</i> | 5 | |
| | <i>M. terrae</i> complexe | 3 | |
| | <i>M. timonense</i> | 2 | |
| | <i>M. triplex</i> | 2 | |
| | <i>M. vanbaalenii</i> | 1 | |
| | <i>M. wolinskyi – jacuzzii</i> | 3 | |
| | <i>M. xenopi</i> | 102 | 10.8% |
| | Mélange <i>M. gordonae</i> + <i>M. intracellulare</i> | 1 | |
| | Mélange <i>M. fortuitum</i> + <i>M. intracellulare</i> | 1 | |
| | Mélange <i>M. avium</i> + <i>M. mageritense</i> | 1 | |
| Total NTM | 941 | 62.8% | |
| Total Mycobacteria | 1497 | | |
| Negatief | 1354 | | |
| Total cultures cliniques analyses | 2851 | | |
| DNA extract | 247 | | |
| Staal voor Genexpert | 113 | | |
| Staal voor Quantiferon | 58 | | |
| Total (diagnostic) | 3269 | | |
| Surveillance – Genotypering | 182 | | |
| Kwaliteitscontrole | 118 | | |
| Total | 3569 | | |

Tabel 3 : Mycobacteriële species in België, 2001-2017

| | 2017 | 2016 | 2015 | 2014 | 2013 | 2012 | 2011 | 2010 | 2009 | 2008 | 2007 | 2006 | 2005 | 2004 | 2003 | 2002 | 2001 |
|--|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|
| <i>M. tuberculosis</i> | 486 | 541 | 509 | 429 | 505 | 422 | 467 | 489 | 397 | 468 | 415 | 451 | 462 | 437 | 421 | 422 | 438 |
| complex | 43 | | 22 | | | | | | | | 5 | 12 | 1 | | | | |
| <i>M. tuberculosis</i> | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Mélange <i>M. tuberculosis</i> cpx+ atypique | 3 | | 1 | 10 | 3 | 7 | 2 | 3 | 2 | 2 | | 2 | 2 | 1 | 1 | 7 | 5 |
| <i>M. africanum</i> | 1 | 3 | 4 | 3 | 7 | 2 | 2 | 2 | | | 1 | | 1 | | 2 | | |
| <i>M. bovis</i> | 5 | 15 | 9 | 13 | 14 | 3 | 12 | 15 | 5 | 8 | 3 | 1 | 3 | 1 | 2 | 3 | |
| <i>M. bovis</i> BCG | 18 | 11 | 7 | 5 | 10 | 5 | 10 | 8 | 5 | 1 | 3 | 6 | 2 | 4 | 1 | | 2 |
| NTM | 174 | 180 | 186 | 165 | 142 | 162 | 142 | 128 | 128 | 122 | 117 | 79 | 93 | 77 | 56 | 70 | 62 |
| <i>M. intracellulare</i> (+ chimaera) | 279 | 179 | 185 | 173 | 166 | 142 | 134 | 88 | 101 | 90 | 74 | 55 | 49 | 47 | 32 | 30 | 29 |
| <i>M. celatum</i> | 3 | | | 2 | 2 | 3 | | 3 | 4 | | 3 | | | | 1 | 1 | |
| Complexe <i>M. chelonae-abscessus</i> | 60 | 45 | 41 | 51 | 33 | 29 | 30 | 20 | 32 | 25 | 21 | 23 | 32 | 37 | 42 | 38 | 36 |
| Complexe <i>M. fortuitum</i> | 30 | 27 | 21 | 18 | 28 | 22 | 24 | 20 | 16 | 17 | 17 | 17 | 21 | | 3 | 7 | 4 |
| <i>M. genavense</i> | | | | | | | 2 | 1 | | | 2 | | | | | | 1 |
| <i>M. haemophilum</i> | 1 | | | | | | 2 | | | 2 | 2 | 1 | 2 | 1 | | | 1 |
| <i>M. immunogen</i> | | | 2 | | | | | | | | | | 1 | | | 1 | 1 |
| <i>M. interjectum</i> | 3 | 1 | 4 | 5 | | 8 | 3 | 4 | 2 | 3 | 5 | 7 | 5 | 1 | 1 | 2 | 2 |
| <i>M. intermedium</i> | | | | | | 1 | | 3 | 5 | 2 | 2 | | 1 | | 1 | 1 | |
| <i>M. kansasii</i> | 25 | 20 | 45 | 19 | 19 | 19 | 20 | 30 | 24 | 41 | 32 | 31 | 25 | 20 | 18 | 35 | 36 |
| <i>M. lentiflavum</i> | 9 | 7 | 14 | 11 | 12 | 5 | 3 | 13 | 5 | 7 | 11 | 5 | 7 | 4 | 14 | 4 | 5 |
| <i>M. malmoense</i> | 6 | 8 | 10 | 8 | 7 | 7 | 8 | 9 | 3 | 7 | 9 | 11 | 4 | 4 | 3 | 6 | 4 |
| <i>M. marinum</i> | 6 | 7 | 9 | 13 | 8 | 11 | 2 | 6 | 6 | 6 | 8 | 11 | 8 | 4 | 3 | 7 | 16 |
| <i>M. paraffinicum</i> | 1 | | | | | 3 | | | 2 | | 4 | 5 | | | 5 | | 8 |
| <i>M. scrofulaceum</i> | | 1 | | 2 | 6 | 1 | 3 | | 1 | 6 | 4 | 2 | 3 | 2 | 1 | 1 | 2 |
| <i>M. simiae</i> | 9 | 10 | 12 | 14 | 3 | 7 | | 11 | 9 | 9 | 4 | 1 | 6 | 14 | 1 | 4 | 6 |
| <i>M. szulqai</i> | 5 | 7 | 6 | 6 | 8 | 1 | 5 | 4 | 3 | 3 | 6 | 3 | 4 | 6 | 1 | 2 | 3 |
| <i>M. xenopi</i> | 102 | 127 | 133 | 102 | 156 | 124 | 88 | 132 | 138 | 127 | 126 | 115 | 149 | 123 | 111 | 108 | 94 |
| Mélange de 2 atypiques | 3 | 5 | | 5 | 8 | 5 | 5 | 3 | 2 | 2 | | | | | | | 2 |
| <i>M. species</i> | 1 | 2 | 4 | 3 | 2 | 16 | 11 | | | 5 | | 4 | 6 | 3 | 6 | 13 | 10 |
| Zeldzaam | | | | | | | | | | | 1 | | | 1 | 1 | | |
| Of niet | | | | 1 | | | | | | | | | | | | | |
| Pathogeen | | 1 | | | | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. aqri</i> | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. asiaticum</i> | | | | 1 | | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. asiaticum</i> | | 1 | | | | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. alvei</i> * | | | | 1 | | | | | 1 | | | | | 1 | 4 | 2 | |
| <i>M. anthracenicum</i> * | | | | | | | | | 3 | | | 4 | 23 | 3 | | | |
| <i>M. arupense</i> | 6 | 3 | 3 | 6 | | 3 | | 3 | 1 | | | | | | | | |
| <i>M. aubagnense</i> | 2 | | 2 | | | | 1 | | | 1 | | | | | | | |
| <i>M. bohemicum</i> | 2 | | 1 | 3 | 4 | 2 | | 2 | | 1 | 2 | 2 | 2 | 2 | 1 | | 2 |
| <i>M. branderi</i> | | | | 1 | | | 2 | | 1 | | | | 2 | | | | |
| <i>M. cookii</i> | | | | | | | | | 1 | | | | | | | | |
| <i>M. conspicuum</i> | | 2 | | | | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. chitae</i> | | | 1 | | | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. elephantis</i> | | | | | | | | | | | | | | 1 | | | |
| <i>M. frederiksbergense</i> * | | | | | | | | | 1 | | | | | | | | |
| <i>M. fluoranthenvivans</i> | | 1 | | | | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. gadium</i> | | | | | | | | | | | | | | | 1 | | |
| <i>M. gilvum</i> | | | 1 | | | | | | | | | | | | | 1 | |
| <i>M. goodii</i> | 1 | 2 | | 1 | | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. gordoniae</i> | 186 | 198 | 188 | 229 | 253 | 130 | 198 | 176 | 198 | 76 | 121 | 145 | 143 | 161 | 142 | 201 | 166 |
| <i>M. hassiacum</i> | 2 | | | | | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. heckeshornense</i> | 1 | | | | 1 | 3 | | | | | 2 | | | 2 | | | |
| <i>M. heidelbergense</i> | | 2 | | | | | | 2 | | | | | | | | | |
| <i>M. heraklionense</i> | 1 | | 4 | 1 | | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. hiberniae</i> | | | 1 | 1 | | | 1 | | | | | | | | 1 | | 1 |
| <i>M. holsaticum</i> | | | | | 1 | | | 1 | | 1 | 1 | | | 1 | | | |
| <i>M. komosense</i> | | | 1 | | | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. kumamotoense</i> | | | | | | | | 1 | | 1 | | | | | | | |
| <i>M. llutzerense</i> | | 1 | 1 | | | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. mantonii</i> | | | 1 | | | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. massiliense</i> | 3 | 3 | | | | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. morioakanense</i> | | | 1 | 1 | | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. mucogenicum</i> - ratisbonense | 1 | 8 | 2 | 2 | 5 | 2 | 3 | 2 | 3 | | | 3 | 2 | 2 | 1 | 3 | 3 |
| <i>M. nebraskense</i> | 1 | 2 | 1 | 1 | | 1 | | | | | | | 1 | | | | |
| <i>M. neoaurum</i> | | | 1 | | | | | | | | | 1 | | 1 | | | |
| <i>M. nonchromogenicum</i> | | 1 | | 1 | | | | 1 | | 1 | 6 | 3 | 3 | 3 | 1 | 1 | 4 |
| <i>M. noviomagense</i> | 1 | 1 | 1 | | 1 | | | | 1 | 1 | | | | | | | |
| <i>M. novocastrense</i> | | 1 | | | | | | | | | | | | | | | 2 |
| <i>M. palustre</i> | 1 | | | | 1 | | | | 1 | | | | | | | | |
| <i>M. parmense</i> | | 1 | | | | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. parascrofulaceum</i> | 3 | 2 | 2 | 3 | 1 | 1 | 1 | 1 | | | | | | | | | |
| <i>M. phlei</i> | | 1 | 1 | | 1 | | 1 | | 1 | 1 | | 1 | 1 | 1 | | | 2 |
| <i>M. phocaicum</i> | | | 1 | | | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. saskatchewanense</i> | 1 | 2 | 2 | | | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. sensuense</i> | 1 | | 1 | | | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. setense</i> | | | | 1 | | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. sherrisii</i> | | | | | | | | | 1 | 3 | | | | | | | |

| | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------------------------|---|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|------------|------------|------------|------------|
| <i>M. shimoidei</i> | 1 | | | | | | | 1 | 1 | | | | | | | | |
| <i>M. smegmatis</i> | | | | 1 | 1 | 1 | | | | | | 2 | | 1 | | 2 | |
| <i>M. sphagnum</i> | | | | | 1 | | | | | | 5 | | | | 1 | | |
| <i>M. terrae complexe</i> | 3 | 2 | | | 1 | 4 | 3 | 2 | | | | 2 | 2 | 4 | 1 | 5 | |
| <i>M. timonense</i> | 2 | 6 | | | | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. triplex</i> | 2 | | 5 | 1 | 1 | | | 5 | 1 | | | 1 | | | 1 | | |
| <i>M. triviale</i> | | | 2 | | 1 | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. vanbaalenii</i> | 1 | | | | | | | | | | | | | | | | |
| <i>M. wolinskyi-jacuzzi</i> | 3 | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Andere bacterie | | 4 | 7 | 7 | 2 | 6 | 15 | 4 | 2 | | 11 | 15 | | | 2 | | |
| Corynebacterium | | 9 | 23 | 26 | 12 | 13 | 12 | 13 | | 7 | 4 | | | | | | |
| TOTAL | | 1450 | 1478 | 1350 | 1432 | 1172 | 1217 | 1199 | 1116 | 1047 | 1025 | 1025 | 1068 | 967 | 886 | 973 | 953 |