

NATIONAAL REFERENTIE CENTRUM

TUBERCULOSE & MYCOBACTERIËN

Jaarverlag 2022

—

Sciensano

Infectieziekten mens - Bacteriële ziekten

NRC Tuberculose & Mycobacteriën

April 2023 • Brussel • België



MATHYS, VANESSA

Vanessa Mathys, Ph.D. • T+32 (0)2 373 32 12 • vanessa.mathys@siensano.be

NATIONAAL REFERENTIE CENTRUM TUBERCULOSE & MYCPBACTERIËN
JAARVERSLAG 2022

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) en 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 rifampicine 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 isoniazide
 - Via de test GenoType MTBDRsl voor bevestiging van resistentie tegen tweedelijns antibiotica
 - Gevoeligheidstesten op *atypische* mycobacteriën, indien klinisch relevant en volgens de microdilutie methode (vloeibaar, Sensititre®).
 - Volledige genoomsequentiebepaling (**Whole Genome Sequencing, WGS**): uitgevoerd vanaf 2019 in routine **op alle *Mycobacterium tuberculosis*** culturen in het NRC ontvangen.
 - Genotypering van de mycobacteriën van het *M. tuberculosis* complex door cgMLST analyse via WGS.
- 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®)
 - Snelle detectie van de aanwezigheid van het *M. tuberculosis* complex en resistentie tegen isoniazide (INH), fluoroquinolones (FQs), ethionamide (ETH) en tweedelijns injecteerbare antibiotica (amikacin, kanamycin et capreomycin) (GeneXpert® MTB/XDR)

Het laboratorium opereert onder accreditatie (ISO15189)

STALEN ONTVANGEN VOOR ANALYSE IN 2022

- Diagnose of bevestiging : 3806 waarvan
 - 2839 culturen voor identificatie
 - 328 DNA extracten
 - 639 klinische stalen (587 voor detectie van latente TB, 52 voor GeneXpert)
- Surveillance-genotypering : 133 culturen van Brussel (TB-BRU-NET), ontvangen voor genotypering
- Kwaliteitscontrole: 61 stalen (microscopieglaasje, culturen, DNA of pulmonaire stalen) ontvangen voor kwaliteitscontrole

In **totaal** maakt dit **4000** geanalyseerde stalen. Deze waren afkomstig van 95 klinische laboratoria uit Vlaanderen, Brussel en Wallonië; 67 van deze labo's stuurden meer dan 10 stalen op voor analyse.

IDENTIFICATIE VAN MYCOBACTERIËN VAN KLINISCHE OORSPRONG

2839 culturen (89% in vloeibare culturen en 11% op vast milieu) werden opgestuurd voor identificatie. In 1641 van deze stalen werd een mycobacterium geïdentificeerd: 573 (35%) van het *M. tuberculosis* complex en 1068 (65%) atypische mycobacteriën, of NTMs.

- Een overzicht van de verschillende mycobacteriën is weergegeven in tabel 1.
- In tabel 2 staat een overzicht per type staal
- De verschillende mycobacteriën (2007-2022) zijn opgelijst in tabel 3

Opvallend was dat in 1198 (42.2%) van de 2839 opgestuurde culturen geen mycobacteriën werden aangetroffen: hierin werd ofwel een contaminant geïdentificeerd, of dit waren vals positieve culturen zonder waarneembare groei van micro-organismen.

GEVOELIGHEIDSBEPALING

Mycobacterium tuberculosis

In 2022 werd in 573 isolaten (461 verschillende patiënten) *M. tuberculosis* (complex) geïdentificeerd. Een antibiogram werd uitgevoerd voor 377 patiënten (op 1 klinisch isolaat voor 361, op 2 isolaten voor 14 patiënten en op 3 isolaten voor 2 patiënten). 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 (ethambutol) : 322 (85.4%)

Stammen resistent aan I (en niet aan R) : 32 (8.5%)
Multiresistente stammen (I+R) : 6
Multiresistente stammen (I+R+E) : 2
Stammen mono-resistent aan R : 2

Stammen met niet-interpreteerbaar antibiogram : 15 (3.9%)

= 8 MDR patiënten op basis van het antibiogram

Hieraan werd 1 INH-resistente patiënt toegevoegd omdat hij een mutatie in het *rpoB*-gen had en 1 patiënt zonder kweek in 2022 die werd gedetecteerd door middel van GeneXpert, wat het aantal MDR's op 10 brengt (2,6%).

Onder de **multiresistente stammen (MDR)**, zijn er alle nieuwe casus en alleen 4 (44%) tot de Beijing familie horen. Een *rpoB* mutatie werd teruggevonden in 100% (10/10) van de RIF-resistente stammen (waarvan de mutatie S450L in 50% van de gevallen). 7 van de 9 MDR stammen (met

beschikbare cultuur) droegen ook een *katG* (Ser315Thr) mutatie. Eén MDR droeg alleen de *inhA* C-15T mutatie en 1 had zowel de *inhA* als de *katG* mutatie.

Onder de stammen **mono-resistent aan isoniazide**, werd *katG* S315T teruggevonden in 45% van de isolaten en de mutatie C-15T in *inhA* in 42% van de isolaten. Vier isolaten droeg beide mutaties.

Atypische mycobacteriën (NTMs)

Een gevoeligheidstest werd uitgevoerd voor 467 patiënten (512 isolaten), geïnfecteerd door de volgende NTMs : 167 *M. avium*, 47 *M. intracellulare cpx*, 72 *M. chimaera*, 40 *M. xenopi*, 51 complexe *M. chelonae-abcscensus*, 18 *M. kansasii*, 17 complexe *M. fortuitum*, 8 *M. marinum*, 9 *M. malmoense* en 38 andere NTMs.

ANALYSE VAN DNA EXTRACTEN UIT KLINISCHE STALEN

Er werden 328 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.

Deze stalen waren afkomstig vanuit pulmonaire (of organen) biopsies (174), 37 klieren, 42 van pulmonaire oorsprong, 43 andere en 32 onbekende oorsprong. In 73.5% van de gevallen stelden we geen aanwezigheid van mycobacterieel DNA vast. Van de positieve stalen bevatten 17 enkel DNA van *M. tuberculosis cpx*, en 70 DNA afkomstig van een NTM infectie.

GENOTYPERING VAN MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS

De 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*.

In 2022 werd genotypering uitgevoerd door Whole Genome Sequencing (WGS) op alle *Mycobacterium tuberculosis* complex culturen in het NRC ontvangen (552 patiënten voor diagnose + 133 voor de epidemiologische studie in Brusselse TB patienten)

In het algemeen, laat deze analyse clustering toe van TB isolaten. Op dit moment zijn er 201 clusters vastgesteld (nummering aangepast aan de nieuwe WGS-techniek), met tussen 2 en 100 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 (project **TB-BRU-NET**), werden de isolaten van *M. tuberculosis* van 133 **patiënten woonachtig in de Brusselse regio** gegenotypeerd in 2022 in ons laboratorium door WGS: 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) in 2022 was 2.6%. Van de 10 MDR-TB stammen, observeerde het NRC geen met ultrasensitiviteit (XDR, additionele resistentie tegen amikacin en een fluoroquinolone), 2 waren besmet met een MDR stam met extra resistentie tegen fluoroquinolones en geen met extra resistentie tegen amikacine.
- Tussen de 2839 ontvangen culturen voor identificatie, waren er 89% (2530) vloeibare culturen (1596 BACTEC MGIT, 923 BacT/ALERT en 11 BACTEC 9.000) en 11% (309) op vaste agar.
- Van deze culturen bevatten **42.2% (1198)** geen mycobacteriën (contaminatie of vals positieve culturen). Het percentage van deze culturen varieert naargelang type milieu: 35.6% (568/1596) zijn MGITs, 61.5% (568/923) zijn afkomstig van BacT/ALERT, 100% (11/11) afkomstig van BACTEC 9.000 en 16.5% (51/309) 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.
- Het probleem van de vals-positieve culturen werd al geanalyseerd voor de periode 2007-20016 en gepubliceerd in het volgende artikel:

Strong increase of true and false positive Mycobacterial cultures sent to National Reference

Centre in Belgium, 2007-2016. Karine Soetaert, Lorenzo Subissi, Pieter-Jan Ceyskens, Brigitte Vanfleteren, Marianne Chantrenne, Tommi Asikainen, Els Duysburgh and Vanessa Mathys. Eurosurveillance, 2019 Mar;24(11):1800205;

- De meest voorkomende NTM species zijn *M.avium* (28.8%), *M. intracellulare-M.chimaera* complexe (26.1% van de NTMs), *M.chelonae/abscessus* complexe (8.9%), *M. gordonae* (11.3% van de NTMs), en *M.xenopi* (8.2%). 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*

(Frequency of Mycobacterium chimaera among Belgian patients, 2015. Soetaert K, Vluggen C, André E, Vanhoof R, Vanfleteren B, Mathys V. J Med Microbiol. 2016 Nov;65(11):1307-1310.)

In 2022 was deze verhouding iets hoger: 70.4% (176 *M. chimaera* voor 250 *M. intracellulare* cpx).

- 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 2019 is **Whole Genome Sequencing** geïmplementeerd in het NRC, en gebruikt in routine op alle *Mycobacterium tuberculosis* complexe culturen gekregen in het NRC.
- In 2020, hebben we voor het eerst een daling vastgesteld van het jaarlijkse aantal stammen/monsters dat voor analyse wordt ontvangen. Deze daling lijkt het gevolg te zijn van de COVID-19-pandemie. In 2021 en 2022 is het aantal ontvangen stammen/monsters weer toegenomen.
- Een volledige analyse van onze jaarverslagen voor de periode 2007-2016 werd gemaakt en gepubliceerd om de toename van het aantal mycobacteriële (en vals-positieve) culturen te rapporteren die voor analyse in ons laboratorium werden ontvangen:
Strong increase of true and false positive Mycobacterial cultures sent to National Reference Centre in Belgium, 2007-2016. Karine Soetaert, Lorenzo Subissi, Pieter-Jan Ceyskens, Brigitte Vanfleteren, Marianne Chantrenne, Tommi Asikainen, Els Duysburgh and Vanessa Mathys. Eurosurveillance, 2019 Mar;24(11):1800205.

TABLEAU 1: Identificatie van klinische culturen in 2022

TUB CPX			
Pathogenen TUBCPX	<i>M. tuberculosis</i>	530	
	<i>M. bovis bovis</i>	12	
	<i>M. bovis ssp B.C.G.</i>	20	
	<i>M. africanum</i>	11	
	Total TUB CPX	573	35 %
NTM			% NTM
Potentiele pathogenen	<i>M. arupense</i>	4	
	<i>M. aubagnense</i>	6	
	<i>M. avium</i>	300	28.8 %
	<i>M. bohemicum</i>	4	
	<i>M. celatum</i>	2	
	<i>M. chelonae-abscessus</i> complexe	27	8.9%
	<i>M. abscessus</i>	15	
	<i>M. massiliense</i>	13	
	<i>M. bolletti</i>	5	
	<i>M. chelonae</i>	35	
	<i>M. europaeum</i>	1	
	<i>M. fluoranthenorans</i>	1	
	<i>M. fortuitum</i>	16	
	<i>M. fortuitum-senegalense-farcinigenes</i> complexe	2	
	<i>M. fortuitum-porcinum-neworleanense</i> complexe	6	
	<i>M. peregrinum-septicum</i> complexe	6	
	<i>M. goodii</i>	3	
	<i>M. gordonae</i>	121	11.3 %
	<i>M. heckeshornense</i>	2	
	<i>M. heidelbergense</i>	1	
	<i>M. heraklionense</i>	2	
	<i>M. hiberniae</i>	1	
	<i>M. holsaticum</i>	2	
	<i>M. interjectum</i>	5	
	<i>M. intermedium</i>	1	
	<i>M. intracellulare</i> complexe	29	26.1 %
	<i>M. intracellulare</i>	71	
	<i>M. chimaera (M. intracellulare</i> complexe)	176	
	<i>M. timonense</i>	3	
	<i>M. kansasii</i>	30	
	<i>M. lentiflavum</i>	8	
	<i>M. llutzerense</i>	5	
	<i>M. mageritense</i>	2	
	<i>M. malmoense</i>	19	
	<i>M. mantonii</i>	7	
	<i>M. marinum</i>	9	
	<i>M. morioakanense</i>	2	
	<i>M. mucogenicum-ratisbonense</i> complexe	3	
	<i>M. novocastrense</i>	1	
	<i>M. parmense</i>	1	
	<i>M. phlei</i>	3	
	<i>M. saskatchewanense</i>	1	
	<i>M. scrofulaceum</i>	1	
	<i>M. senegalense</i>	1	
	<i>M. sherrisii</i>	1	
	<i>M. simiae</i>	3	
	<i>M. species</i>	1	
<i>M. szulgai</i>	4		
<i>M. terrae</i> complexe + <i>M. kumamotoense (terrae cpx)</i>	2+8		
<i>M. triplex</i>	1		
<i>M. triviale</i>	1		
<i>M. xenopi</i>	88	8.2 %	
<i>Mycobactérie atypique (identification précise impossible)</i>	4		
Mengsel <i>M. gordonae</i> + <i>M. intracellulare</i>	1		
Mengsel <i>M. avium</i> + <i>M. intracellulare</i>	1		
Totaal NTM	1068	65 %	
Totaal Mycobacteria	1641		
Negatief	1198		
Totaal culturen voor analyses	2839		
DNA extracten	328		
Stalen voor Genexpert	52		
Stalen voor Quantiferon	587		
Totaal (diagnostic)	3806		
Surveillance – Genotypering	133		
Kwaliteitscontrole	61		
Totaal	4000		

TABLEAU 3: Mycobacteriële species in België, 2007-2022

		2022	2021	2020	2019	2018	2017	2016	2015	2014	2013	2012	2011	2010	2009	2008	2007	
M. tuberculosis Complexe	Complexe <i>M. tuberculosis</i>			141	189	423	486	541	509	429	505	422	467	489	397	468	415	
	<i>M. tuberculosis</i>	530	496	355	390	37	43		22								5	
	Mélange <i>M. tuberculosis</i> cpx+ atypique						3		1	10	3	7	2	3	2	2		
	<i>M. africanum</i>	11	10	6	9	3	1	3	4	3	7	2	2	2				1
	<i>M. bovis</i>	12	9	8	12	10	5	15	9	13	14	3	12	15	5	8		3
	<i>M. bovis</i> BCG	20	18	14	14+2	10	18	11	7	5	10	5	10	8	5	1		3
	<i>M. bovis</i> ou BCG		5															
Mycobacteriën atypische gewoon	<i>M. avium</i>	300	251	266	304	233	174	180	186	165	142	162	142	128	128	122	117	
	<i>M. intracellulare</i> complexe (+ chimaera - <i>M. colombiense</i> – <i>M. timonense</i>)	279	245	263	328	230	279	179	185	173	166	142	134	88	101	90	74	
	Complexe <i>M. chelonae-abscessus</i>	95	124	103	105	76	60	45	41	51	33	29	30	20	32	25	21	
	Complexe <i>M. fortuitum</i>	30	33	35	42	44	30	27	21	18	28	22	24	20	16	17	17	
	<i>M. kansasii</i>	30	32	35	45	41	25	20	45	19	19	19	20	30	24	41	32	
	<i>M. lentiflavum</i>	8	6	3	5	15	9	7	14	11	12	5	3	13	5	7	11	
	<i>M. malmoense</i>	19	10	6	9	8	6	8	10	8	7	7	8	9	3	7	9	
	<i>M. marinum</i>	9	8	11	8	12	6	7	9	13	8	11	2	6	6	6	8	
	<i>M. terrae</i> complexe	10	7	7	6	5	3	2				1	4	3	2			
	<i>M. goodnae</i>	121	111	165	181	180	186	198	188	229	253	130	198	176	198	76	121	
	<i>M. xenopi</i>	88	92	101	102	97	102	127	133	102	156	124	88	132	138	127	126	
Mycobacteriën Atypische Minder vaak	<i>M. agri</i>				1												1	
	<i>M. assiacum</i>									1								
	<i>M. asiaticum</i>							1										
	<i>M. alsense</i>				1													
	<i>M. alvei</i> *									1					1			
	<i>M. anthracenicum</i> *														3			
	<i>M. arosiense</i>			1														
	<i>M. arupense</i>	4	3	2	1	1	6	3	3	6		3		3	1			
	<i>M. aubagnense</i>	6	6	3	2	28	2		2				1			1		
	<i>M. bohemicum</i>	4	1	2	2	3	2		1	3	4	2		2		1	2	
	<i>M. branderi</i>		2	3	2	1				1			2		1			
	<i>M. brumae</i>			1														
	<i>M. celatum</i>	2		3	3	3	3			2	2	3		3	4		3	
	<i>M. cookii</i>														1			
	<i>M. conspicuum</i>					1		2										
	<i>M. cosmeticum</i>				1													
	<i>M. chitae</i>								1									
	<i>M. elephantis</i>		2		1													
	<i>M. engbaekii</i>		1			1												
	<i>M. europaeum</i>	1																
	<i>M. frederiksbergense</i> *		1												1			
	<i>M. fluoranthenvivans</i>	1						1										
	<i>M. genavense</i>				1								2	1			2	
	<i>M. gilvum</i>				1				1									
	<i>M. goodii</i>	3		2		1	1	2		1								
	<i>M. haemophilum</i>					2	1						2			2	2	
	<i>M. hassiacum</i>		1		1		2											
	<i>M. heckeshornense</i>	2				1	1				1	3					2	
	<i>M. heidelbergense</i>	1						2						2				
	<i>M. heraklionense</i>	2	2			3	1		4	1								
	<i>M. hiberniae</i>	1				1			1	1			1					
	<i>M. holsaticum</i>	2			1						1			1		1	1	
	<i>M. komosense</i>								1									
	<i>M. kumamotoense</i>													1		1		
	<i>M. immunogenum</i>		1						2									
	<i>M. interjectum</i>	5	5	5	3	1	3	1	4	5		8	3	4	2	3	5	
	<i>M. intermedium</i>	1										1		3	5	2	2	
	<i>M. iranicum</i>		2															
	<i>M. llätzerense</i>	5	1	3	2			1	1									
	<i>M. mageritense</i>	2																
	<i>M. mantonii</i>	7	2	2	5				1									
	<i>M. massiliense</i>						3	3										
	<i>M. morioakanense</i>	2							1	1								

<i>M. montefiorensis</i>				1													
<i>M. mucogenicum - ratisbonense</i>	3	4	6	4	3	1	8	2	2	5	2	3	2	3			
<i>M. nebraskense</i>						1	2	1	1		1						
<i>M. neoaurum</i>		1	1		1			1									
<i>M. nonchromogenicum</i>							1		1				1		1		6
<i>M. noviomagensis</i>					3	1	1	1		1				1	1		
<i>M. novocastrensis</i>	1			1			1										
<i>M. obuense</i>				2													
<i>M. palustre</i>						1				1					1		
<i>M. paraense</i>		2															
<i>M. paraffinicum</i>			2			1					3				2		4
<i>M. parmense</i>	1			1	1		1										
<i>M. parascrofulaceum</i>				2	1	3	2	2	3	1	1	1	1				
<i>M. phlei</i>	3	1	1		1		1	1		1		1		1	1		
<i>M. phocaicum</i>								1									
<i>M. salmoniphilum</i>		1		2													
<i>M. saskatchewanensis</i>	1					1	2	2									
<i>M. scrofulaceum</i>	1						1		2	6	1	3		1	6		4
<i>M. senegalensis</i>	1																
<i>M. sensuense</i>						1		1									
<i>M. seoulensis</i>		1															
<i>M. setense</i>									1								
<i>M. sherrisii</i>	1													1	3		
<i>M. shimoidei</i>						1								1	1		
<i>M. simiae</i>	3	11	4	4	9	9	10	12	14	3	7		11	9	9		4
<i>M. smegmatis</i>		1								1	1	1					
<i>M. species</i>	1	2	1	2	5	1	2	4	3	2	16	11				5	
<i>M. sphagni</i>											1						
<i>M. szulgai</i>	4	6	4	4	4	5	7	6	6	8	1	5	4	3	3		6
<i>M. timonense</i>						2	6										
<i>M. triplex</i>	1		1		1	2		5	1	1			5	1			
<i>M. triviale</i>	1	1						2		1							
<i>M. vaccae</i>			1	1													
<i>M. vanbaalenii</i>					1	1											
<i>M. wolinskyi-jacuzzi</i>			1			3											
Mengsel van 2 atypisches myco	2	6	2	6	4	3	5		5	8	5	5	3	2	2		
<i>Mycobactéries atypiques non déterminée</i>	4	2															
Andere bacterien							4	7	7	2	6	15	4	2			11
Corynebacterium							9	23	26	12	13	12	13		7		4
TOTAL	1641	1526	1570	1809	1505	1497	1450	1478	1350	1432	1172	1217	1199	1116	1047		1025

CONTACT

Vanessa Mathys • vanessa.mathys@sciensano.be • T +32 (0)2 373 32 12

VRAGEN, OPMERKINGEN OF
MEER INFORMATIE :

WWW.SCIENSANO.BE



Sciensano • Juliette Wytsmanstraat 14 • 1050 Brussel • België • T +32 2 642 51 11 • T pers + 32 2 642 54 20 •
info@sciensano.be • www.sciensano.be

Verantwoordelijke uitgever(s): Myriam Sneyers, Algemeen directeur • Juliette Wytsmanstraat 14 • 1050 Brussel • België •