

CENTRE  
NATIONAL DE  
RÉFÉRENCE

TUBERCULOSE &  
MYCOBACTÉRIES

Rapport annuel 2022

---



**Sciensano**

**Maladies Infectieuses Humaines - Maladies bactériennes**

**CNR Tuberculose & Mycobactéries**

Avril 2023 • Bruxelles • Belgique



MATHYS, VANESSA

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

CENTRE NATIONAL DE RÉFÉRENCE TUBERCULOSE & MYCOBACTERIES  
RAPPORT ANNUEL 2022

## 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 test immunochromatographique MPB64, PCR spécifiques de diverses espèces mycobactériennes, amplification d'un fragment du gène codant pour l'ARNr 16S suivie de séquençage, test GenoType *Mycobacterium*, distinction des membres du complexe *M. tuberculosis*)
  - tests de sensibilité sur *M. tuberculosis*
    - en Bactec MGIT 960 (milieu liquide) pour les antituberculeux de 1<sup>re</sup> ligne, à savoir isoniazide (I), rifampicine (R), éthambutol (E) et pyrazinamide (PZA) (attention, pour ce dernier, le résultat du test *in vitro* ne correspond pas toujours à l'activité de la PZA *in vivo*).
    - en Bactec MGIT 960 (milieu liquide) pour les antituberculeux de seconde ligne, en cas de résistance à un antituberculeux de 1<sup>re</sup> ligne
    - par le test GenoType MTBDR<sub>plus</sub> ou par séquençage d'une région de 81 pb du gène *rpoB* pour vérifier la résistance à la rifampicine
    - par PCR multiplex pour rechercher la mutation S315T dans le gène *katG* et la mutation C-15T dans la région promotrice du gène *inhA* ou GenoType MTBDR<sub>plus</sub> pour vérifier la résistance à l'isoniazide
    - par le test GenoType MTBDR<sub>sl</sub> pour vérifier la résistance aux antibiotiques de 2<sup>ème</sup> ligne
  - tests de sensibilité sur mycobactéries atypiques, seulement si le cas clinique le justifie (méthode Sensititre® en milieu liquide)
  - Séquençage génomique complet (**Whole Genome Sequencing, WGS**) : réalisé depuis 2019 en routine **sur toutes les cultures de *Mycobacterium tuberculosis*** reçues au CNR
  - Génotypage des mycobactéries du complexe *M. tuberculosis*, par analyse des cgMLST via WGS
- Sur prélèvements sanguins

- diagnostic d'infection tuberculeuse latente par test IGRA (Interferon Gamma Release Assays)
- Sur échantillons respiratoires
  - détection rapide de la présence de *M. tuberculosis* complexe et de sa résistance à la rifampicine (GeneXpert® MTB/RIF)
  - détection rapide de la présence de *M. tuberculosis* complexe et de sa résistance à l'isoniazide (INH), les fluoroquinolones (FQs), l'éthionamide (ETH) et les antibiotiques injectables de seconde ligne (amikacin, kanamycin et capreomycin) (GeneXpert® MTB/XDR)

Le laboratoire utilise des techniques accréditées (ISO15189)

## ECHANTILLONS REÇUS POUR ANALYSES EN 2022

- Diagnostic ou confirmation : 3806 dont
  - 2839 cultures pour identification
  - 328 extraits d'ADN
  - 639 prélèvements cliniques (587 pour détection de tuberculose latente par test IGRA et 52 pour GeneXpert)
- Surveillance-génotypage : 133 cultures de patients bruxellois (étude TB-BRU-NET) reçues pour génotypage
- Contrôle de qualité : 61 échantillons (lames, expectorations, cultures ou ADN) reçus pour contrôle de qualité

**Total** (échantillons analysés): 4000

Origine géographique : les échantillons cliniques provenaient de 95 laboratoires différents du pays répartis à Bruxelles, en Wallonie et en Flandre, dont 67 ont envoyé plus de 10 échantillons pour analyse.

## MYCOBACTÉRIES D'ORIGINE CLINIQUE IDENTIFIÉES

2839 cultures (89% en milieu liquide et 11% sur milieu solide) ont été envoyées pour identification. Une mycobactérie a pu être identifiée dans 1641 de ces cultures : 573 (35%) complexes *M. tuberculosis* et 1068 (65%) 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 2007 sont données dans le tableau 3.

On notera que 1198 (42.2%) des 2839 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

### *Mycobacterium tuberculosis*

En 2022, *M. tuberculosis* (complexe *M. tuberculosis*) a été identifié sur 573 isolats cliniques provenant de 461 patients différents. Le test de sensibilité a été effectué pour 377 patients (sur 1 isolat clinique pour 361 et sur 2 isolats pour 14 d'entre eux et sur 3 isolats pour 2 patients). L'antibiogramme n'a pas été effectué sur les souches envoyées uniquement 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) : 322 (85,4%)

Patients résistants à I (et pas à R) : 32 (8,5%)  
Patients multirésistants (I+R) : 6  
Patients multirésistants (I+R+E) : 2  
Patients résistants à R uniquement : 2  
Patients avec antibiogramme Non interprétable : 15 (3,9%)

= 8 patients MDR basé sur l'antibiogramme

Auxquels, 1 INH-résistant a été ajouté car il présentait une mutation du gène *rpoB* et 1 patient sans culture en 2022 mais détecté par GeneXpert, portant le nombre de MDR à 10 (2.6%).

Parmi les **souches multirésistantes**, toutes sont des nouveaux cas. Parmi ceux-ci, 4 (44%) appartenaient à la

famille Beijing. Une mutation dans *rpoB* a été retrouvée dans 100% (10/10) des isolats résistants à la rifampicine (dont la mutation S450L dans 50% des cas). Une mutation dans *katG* (Ser315Thr) seule a été retrouvée chez 7 des 9 souches avec culture disponible, 1 souche présentait seulement la mutation *inhA* C-15T et 1 souche avait à la fois la mutation *inhA* et *katG*.

Parmi les isolats **mono-résistants à l'isoniazide**, la mutation S315T dans *katG* a été retrouvée chez 45% des isolats, la mutation C-15T dans *inhA* chez 42% des isolats. Quatre isolats présentaient les 2 mutations ensemble.

## Mycobactéries atypiques ou NTM

Le test de sensibilité a été effectué pour 467 patients (512 isolats) infectés par les mycobactéries suivantes: 167 *M. avium*, 47 *M. intracellulare* cpx, 72 *M. chimaera*, 40 *M. xenopi*, 51 complexe *M. chelonae-abc*, 18 *M. kansasii*, 17 complexe *M. fortuitum*, 8 *M. marinum*, 9 *M. malmoense* et 38 autres mycobactéries atypiques.

## ANALYSE DES ADN EXTRAITS D'ÉCHANTILLONS CLINIQUES

328 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 ceux-ci, 174 provenaient de biopsies (pulmonaires ou d'organes), 37 de ganglions, 42 d'origine pulmonaire, 43 d'autres origines et 32 d'origine inconnue. Dans 73,5 % des cas, nous n'avons pas mis en évidence la présence d'ADN de mycobactérie, 17 seulement contenaient de l'ADN du complexe *M. tuberculosis*, et 70 de l'ADN de mycobactérie atypique.

## GENOTYPAGE DES BACILLES DE LA TUBERCULOSE

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*.

En 2022, le génotypage a été effectué par Whole Genome Sequencing (WGS) sur tous les isolats cliniques de *Mycobacterium tuberculosis* complexe reçus pour analyse au CNR (552 patients du diagnostic + 133 pour l'étude d'épidémiologie moléculaire à Bruxelles)

De façon générale, l'analyse de clustering effectuée sur l'ensemble des souches génotypées à ce jour dans notre laboratoire a permis de détecter l'existence de 201 clusters (numérotation adaptée à la nouvelle technique du WGS) comprenant de 2 à 100 patients chacun.

Les patients des clusters de taille importante font l'objet d'investigations de terrain par le FARES-VRGT en vue de tenter de déterminer comment ils se sont contaminés et d'effectuer le contrôle tuberculinique de leur entourage. Les souches analysées appartenaient aux familles génétiques suivantes (répertoriées dans les bases internationales de spoligotypes): familles T, H, LAM, Beijing, U, CAS, EAI,.....

Dans le cadre d'une étude d'épidémiologie moléculaire de la tuberculose à Bruxelles (projet **TB-BRU-NET**), les isolats de *M. tuberculosis* de 133 **patients habitant la Région bruxelloise** ont été génotypés en 2022 dans notre laboratoire, par WGS. Les données administratives et cliniques des patients ont été collectées auprès du FARES-VRGT. Les souches isolées à Bruxelles dans le cadre de cette étude entre 2010 et 2013 ont fait l'objet d'une analyse approfondie qui a été publiée :

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.

## 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 le FARES-VRGT (Fonds des Affections Respiratoires – Vlaamse vereniging voor Respiratoire Gezondheidszorg en tuberculosebestrijding vzw)
- La proportion de cas de tuberculose multirésistante (MDR-TB : soit résistance à au moins l'isoniazide et la rifampicine) enregistrée dans notre laboratoire est de 2.6% en 2022. Parmi les 10 nouveaux patients MDR détectés en 2022, aucun n'était infecté par une souche XDR (ultra-résistante : souche MDR avec résistance additionnelle à l'amikacin et à une quinolone), 2 étaient infectés par une souche multirésistante avec une résistance supplémentaire aux quinolones et aucun par une souche multirésistante présentant une résistance supplémentaire uniquement à l'amikacine.
- Parmi les 2839 cultures envoyées pour identification, 89% (2530) étaient des cultures en milieu liquide (1596 en provenance du BACTEC MGIT, 923 du BacT/ALERT, 11 du BACTEC 9.000) et 11% (309) étaient sur milieu solide.
- De ces cultures, 1198 cultures (**42.2%**) 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 : 35.6% (568/1596) des cultures MGIT, 61.5% (568/923) des cultures provenant du BacT/ALERT, 100% (11/11) des cultures en BACTEC 9.000 et 16.5% (51/309) 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 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.
- Le problème des cultures faussement positive avait déjà été analysé pour la période 2007-2016 et publié dans l'article suivant :

Strong increase of true and false positive Mycobacterial cultures sent to National Reference Centre in Belgium, 2007-2016. Karine Soetaert, Lorenzo Subissi, Pieter-Jan Ceysens, Brigitte Vanfleteren, Marianne Chantrenne, Tommi Asikainen, Els Duysburgh and Vanessa Mathys. Eurosurveillance. 2019 Mar;24(11):1800205.
- 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 *M. avium* (28.8%), *M.intracellulare-M.chimaera* complexe (26.1% des NTM), *M. chelonae/abscessus* complexe (8.9% des NTM), *M. goodii* (11.3% des NTM) et *M. xenopi* (8.2% des NTM). Ces espèces sont identiques à celles les plus fréquemment détectées les années précédentes.
- Depuis 2015, étant donné l'alerte ECDC lancée concernant le risque d'infection à *M. chimaera* lors de l'utilisation de heater-cooler unit lors de chirurgie cardiaque sous circulation extracorporelle, une attention particulière a été donnée aux souches de *M. intracellulare*. En effet, seul l'analyse par séquençage permet de faire la distinction entre *M. intracellulare* et *M. chimaera*.
- La proportion respective de *M.intracellulare* et *M.chimaera* a été déterminée et publiée sur les souches du complexe *M. intracellulare-chimaera* isolées en 2015. L'analyse révèle que 63% de ces souches appartiennent à l'espèce *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.)

CENTRE NATIONAL DE RÉFÉRENCE TUBERCULOSE & MYCOBACTERIES  
RAPPORT ANNUEL 2022

La proportion de *M. chimaera* identifiés en 2022 est légèrement plus élevée : 70.4 % (176 *M. chimaera* sur 250 *M. intracellulare* cpx)

- L'identification d'espèces des cultures issues de prélèvements d'eau effectués par les laboratoires périphériques, peut être réalisée au sein de notre laboratoire dans le cadre de son rôle dans la surveillance des infections à mycobactéries.
- 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.
- Depuis 2019, la technique de **Whole Genome Sequencing** est implémentée dans la laboratoire et utilisée en routine sur **toutes** les souches de *M. tuberculosis* que nous recevons.
- En 2020, nous avons observé pour la première fois une diminution du nombre annuel de cultures/échantillons reçus pour analyse. Cette diminution semble être la conséquence de la pandémie COVID-19. En 2021 et 2022, le nombre de cultures/échantillons reçus est reparti à la hausse.
- Une analyse complète de nos rapports annuels concernant la période 2007-2016 a été faite et publiée afin de rapporter l'augmentations du nombre de cultures mycobactériennes (et faussement positives) reçues pour analyses au sein de notre laboratoire:

Strong increase of true and false positive Mycobacterial cultures sent to National Reference Centre in Belgium, 2007-2016. Karine Soetaert, Lorenzo Subissi, Pieter-Jan Ceyssens, Brigitte Vanfleteren, Marianne Chantrenne, Tommi Asikainen, Els Duysburgh and Vanessa Mathys. Eurosurveillance, 2019 Mar;24(11):1800205.



**TABLEAU 1: Identification de cultures d'origine clinique en 2022**

<b>TUB CPX</b>				
Pathogènes 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		
	<b>Total TUB CPX</b>	<b>573</b>	35 %	
<b>NTM</b>		% NTM		
Potentiellement pathogènes	<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	<i>M. abscessus</i>	15	8.9%
		<i>M. massiliense</i>	13	
		<i>M. bolletii</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	<i>M. intracellulare</i>	71	26.1 %
		<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. llatzerense</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			
Mélange <i>M. gordonae</i> + <i>M. intracellulare</i>	1			
Mélange <i>M. avium</i> + <i>M. intracellulare</i>	1			
<b>Total NTM</b>	<b>1068</b>	<b>65 %</b>		
<b>Total Mycobacteria</b>	<b>1641</b>			
Négatifs (cultures ne contenant pas de mycobactéries)	1198			
<b>Total cultures cliniques analyses</b>	<b>2839</b>			
Extraits d'ADN	328			
Prélèvements cliniques pour Genexpert	52			
Prélèvements cliniques pour Quantiferon	587			
<b>Total (diagnostic)</b>	<b>3806</b>			
Surveillance – Genotypage	133			
Contrôle qualité	61			
<b>Total</b>	<b>4000</b>			

TABLEAU 2: Cultures analysées en 2022

	<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	<i>Mycobacterium bovis</i>	<i>Mycobacterium bovis</i> ssp B.C.G.	<i>Mycobacterium africanum</i>	<i>Mycobacterium arupense</i>	<i>Mycobacterium aubagnense</i>	<i>Mycobacterium avium</i>	<i>Mycobacterium bohemicum</i>	<i>Mycobacterium celatum</i>	<i>Mycobacterium chelonae</i> – abscessus complexe	<i>Mycobacterium abscessus</i>	<i>Mycobacterium massiliense</i>	<i>Mycobacterium bolletii</i>	<i>Mycobacterium chelonae</i>	<i>Mycobacterium europaeum</i>	<i>Mycobacterium fluoranthinovirans</i>	<i>Mycobacterium fortuitum</i>	<i>Mycobacterium fortuitum</i> -senegalense-farcinogenes cpx	<i>Mycobacterium fortuitum</i> – porcinum-neworleanense complexe	<i>Mycobacterium fortuitum</i> –perregrinum-septicum complexe	<i>Mycobacterium goodii</i>	<i>Mycobacterium gordonae</i>	<i>Mycobacterium heckeshornense</i>	<i>Mycobacterium heidelbergense</i>	<i>Mycobacterium heraklionense</i>	<i>Mycobacterium hiberniae</i>	<i>Mycobacterium holsaticum</i>	<i>Mycobacterium interjectum</i>	<i>Mycobacterium intermedium</i>	<i>Mycobacterium intracellulare</i> complexe	<i>Mycobacterium intracellulare</i>	<i>Mycobacterium chimera</i>	<i>Mycobacterium immonense</i>	<i>Mycobacterium kansasii</i>	<i>Mycobacterium lentiflavum</i>	<i>Mycobacterium lifalzerense</i>	<i>Mycobacterium magertense</i>	<i>Mycobacterium malmhoense</i>	<i>Mycobacterium mantonii</i>	<i>Mycobacterium marinum</i>	<i>Mycobacterium morioakanense</i>	<i>M. mucogenicum</i> -ratibonense complexe	<i>Mycobacterium novocastrense</i>	<i>Mycobacterium pamense</i>	<i>Mycobacterium phlei</i>	<i>Mycobacterium saskatchewanense</i>	<i>Mycobacterium scrofulaceum</i>	<i>Mycobacterium senegalense</i>	<i>Mycobacterium sherrisii</i>	<i>Mycobacterium simiae</i>	<i>Mycobacterium species</i>	<i>Mycobacterium szulgai</i>	<i>Mycobacterium terrae</i> /kumamotoense complexe	<i>Mycobacterium triplex</i>	<i>Mycobacterium triviale</i>	<i>Mycobacterium xenopi</i>	<i>Mycobacteries atypiques non-définies</i>	Mélange de 2 <i>Mycobacteries</i> atypiques	Négatifs	Total
Expectoration	187	1	1	2	4	3	143	4		23	12	8	5	15	1	1	9		5	5	1	59			1		2			18	34	91	3	10	1	3		8	4			2	1	1	1	1	1	1	2	40	3	497	1220							
Aspiration bronchique et endo-trachéale	77	1		2		2	49				1			3			2					37	2			1		5	1	5	14	43		6	2			4												1	22	1	238	525						
Liqu. broncho-alvéolaire	82	1					53		2	2	2	1		1							2	11								3	16	24		11	3			5											16		158	400								
Liqu. gastrique	6	1																				1																											9	17										
Liqu. d'ascite	5		1																																														1	7										
Liqu. pleural	24	1			1																	1																											34	61										
Liqu. péricardique	1																																																	1										
Liqu. péritonéal	2																																																4	6										
Liqu. cérébro-spinal	3																																																1	4										
Liqu. articulaire	1						1																																										3	5										
Hémoculture	1		1								2						1																																	11	16									
Biopsie organe	35		1				7			1												1									1	3							1									2		50	103									
Biopsie cutanée tendon														4																																			4	12										
Biopsie osseuse				1																																													7	8										
Ganglion	38	5	1	2			13																						1																				1	46	111									
Pus	15	1					2				1			4			1	2								1																								3	36	75								
Abcès	14		1	3			1							1								1																												11	36									
Urine	2	1	10																1												1	1																		34	51									
Selles																														1																					1									
Autre	1						3							1																		3																			4	13								
Origine inconnue	36		4	1			28			1		1		6			2			1		10							1	5	6		2	1	1															1	4	1	1	50	167					
Total	530	12	20	11	4	6	300	4	2	27	15	13	5	35	1	1	16	2	6	6	3	121	2	1	2	1	2	1	2	1	29	71	176	3	30	8	5	2	19	7	9	2	3	1	1	3	1	1	1	1	1	1	1	88	4	2	1198	2839		

TABLEAU 3: Espèces mycobactériennes en Belgique, 2007-2022

		2022	2021	2020	2019	2018	2017	2016	2015	2014	2013	2012	2011	2010	2009	2008	2007
Complexe	Complexe <i>M. tuberculosis</i>			141	189	423	486	541	509	429	505	422	467	489	397	468	415
<i>M. tuberculosis</i>	<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														
Mycobactéries	<i>M. avium</i>	300	251	266	304	233	174	180	186	165	142	162	142	128	128	122	117
atypiques	<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
fréquentes	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. gordonae</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
Myobactéries	<i>M. agri</i>				1												1
atypiques	<i>M. assiacum</i>									1							
plus rare	<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. fluoranthenvivorans</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. llutzerense</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. noviomagense</i>					3	1	1	1		1					1	1	
<i>M. novocastrense</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. saskatchewanense</i>	1					1	2	2									
<i>M. scrofulaceum</i>	1						1		2	6	1	3			1	6	4
<i>M. senegalense</i>	1																
<i>M. sensuense</i>						1		1									
<i>M. seoulense</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											
Mélange de 2 atypiques	2	6	2	6	4	3	5		5	8	5	5	3	2	2		
<i>Mycobactéries atypiques non déterminée</i>	4	2															
Autres bactéries							4	7	7	2	6	15	4	2			11
Corynebacterium (autre famille)							9	23	26	12	13	12	13		7		4
<b>TOTAL</b>	<b>1641</b>	<b>1526</b>	<b>1570</b>	<b>1809</b>	<b>1505</b>	<b>1497</b>	<b>1450</b>	<b>1478</b>	<b>1350</b>	<b>1432</b>	<b>1172</b>	<b>1217</b>	<b>1199</b>	<b>1116</b>	<b>1047</b>	<b>1025</b>	



## CONTACT

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

POUR PLUS  
D'INFORMATIONS :

[WWW.SCIENSANO.BE](http://WWW.SCIENSANO.BE)

**Sciensano** • Rue Juliette Wytsman 14 • 1050 Bruxelles • Belgique • T +32 2 642 51 11 • T presse +32 2 642 54 20 •  
[info@sciensano.be](mailto:info@sciensano.be) • [www.sciensano.be](http://www.sciensano.be)

Editeur responsable: Myriam Sneyers, directeur général • Rue Juliette Wytsman • 1050 Bruxelles • Belgique •